

5

PCT/JP 98/02445

日 本 国 特 許 庁

PATENT OFFICE  
JAPANESE GOVERNMENT

03.06.98

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日  
Date of Application:

1997年 6月 3日

REC'D 24 JUL 1998

出 願 番 号  
Application Number:

平成 9年特許願第144948号

WIPO PCT

EPO - DG 1

出 願 人  
Applicant (s):

財団法人相模中央化学研究所  
株式会社プロテジーン

11.02.2000

(82)

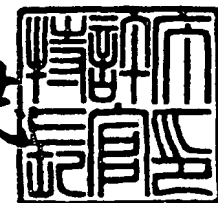
PRIORITY  
DOCUMENT

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN  
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

1998年 7月 3日

特許庁長官  
Commissioner,  
Patent Office

伴佐山 建志



出証番号 出証特平10-3056153

特平 9-144948

【書類名】 特許願

【整理番号】 S018101

【提出日】 平成 9年 6月 3日

【あて先】 特許庁長官殿

【発明の名称】 膜貫通ドメインを有するヒト蛋白質及びそれをコードするDNA

【請求項の数】 4

【発明者】

【住所又は居所】 神奈川県相模原市若松3-46-50

【氏名】 加藤 誠志

【発明者】

【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼4-4-1

【氏名】 関根 伸吾

【発明者】

【住所又は居所】 東京都葛飾区高砂5-13-11

【氏名】 山口 知子

【特許出願人】

【代表出願人】

【識別番号】 000173762

【郵便番号】 229

【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号

【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所

【代表者】 近藤 聖

【電話番号】 0427(42)4791

【特許出願人】

【識別番号】 596134998

【郵便番号】 153

【住所又は居所】 東京都目黒区中町2丁目20番3号

【氏名又は名称】 株式会社プロテジーン

特平 9-144948

【代表者】 棚井 文雄

【電話番号】 03(3792)1019

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 011501

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【ブルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 膜貫通ドメインを有するヒト蛋白質及びそれをコードするDNA

【特許請求の範囲】

【請求項1】 配列番号1から配列番号18で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質。

【請求項2】 請求項1記載の蛋白質のいずれかをコードするDNA。

【請求項3】 配列番号19から配列番号36で表される塩基配列のいずれかを含むcDNA。

【請求項4】 配列番号37から配列番号54で表される塩基配列のいずれかからなる、請求項3記載のcDNA。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、膜貫通ドメインを有するヒト蛋白質、およびそれをコードしているDNAに関する。本発明の蛋白質は、医薬品として、あるいは該蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のヒトcDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、該cDNAがコードしている蛋白質を大量生産するための遺伝子源として用いることができる。

【0002】

【従来の技術】

膜蛋白質は、シグナルレセプター、イオンチャネル、トランスポーターなどとして、細胞膜を介する物質輸送や情報伝達において重要な役割を担っている。例えば、各種サイトカインに対するレセプター、ナトリウムイオン・カリウムイオン・塩素イオン等に対するイオンチャネル、糖・アミノ酸等に対するトランスポーターなどが知られており、その多くはすでに遺伝子もクローン化されている。

【0003】

これらの膜蛋白質の異常は、これまで原因不明であった多くの病気と関連していることがわかってきた。例えば、嚢胞性線維症の原因遺伝子として12個の膜貫通ドメインを有する膜蛋白質の遺伝子が同定された[Rommens, J. M. et al., Science 245:1059~1065(1989)]。また、いくつかの膜蛋白質は、ウイルスが細胞に感染する際のレセプターとして働いていることがわかってきた。例えば、HIV-1は、T細胞膜上の膜蛋白質、CD4抗原と7個の膜貫通ドメインを有する膜蛋白質ヒュージンを介して細胞内に感染することが示された[Feng, Y. et al., Science 272:872~877(1996)]。従って、新しい膜蛋白質が見い出せれば、多くの病気の原因解明につながるものと期待され、膜蛋白質をコードする新たな遺伝子の単離が望まれている。

【0004】

従来、膜蛋白質は、精製することが困難なので、遺伝子の方からのアプローチによって単離されたものが多い。一般的な方法は、cDNAライブラリーを動物細胞に導入して、cDNAを発現させたのち、目的とする膜蛋白質を膜上に発現している細胞を、抗体を用いる免疫学的な手法や膜の透過性の変化を生理学的な手法で検出する、いわゆる発現クローニングである。しかしこの方法では機能のわかった膜蛋白質の遺伝子しかクローン化できない。

【0005】

一般に膜蛋白質は、蛋白質内部に疎水性の膜貫通ドメインを有しており、リボソームで合成された後、このドメインがリン脂質膜内に留まり膜にトラップされる。従って、完全長cDNAの全塩基配列を決定してやり、そのcDNAがコードしている蛋白質のアミノ酸配列の中に疎水性の高い膜貫通ドメインが存在すれば、そのcDNAは膜蛋白質をコードしていると考えられる。

【0006】

【発明が解決しようとする課題】

本発明の目的は、膜貫通ドメインを有する新規のヒト蛋白質、および該蛋白質をコードするDNAを提供することである。

【0007】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは鋭意研究の結果、ヒト完全長cDNAバンクの中から膜貫通ドメインを有する蛋白質をコードするcDNAをクローン化し、本発明を完成した。すなわち、本発明は膜貫通ドメインを有するヒト蛋白質である、配列番号1から配列番号18で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質を提供する。また本発明は上記蛋白質をコードするDNA、例えば配列番号19から配列番号36で表される塩基配列のいずれかを含むcDNAを提供する。

【0008】

【発明の実施の形態】

本発明の蛋白質は、ヒトの臓器、細胞株などから単離する方法、本発明のアミノ酸配列に基づき化学合成によってペプチドを調製する方法、あるいは本発明の膜貫通ドメインをコードするDNAを用いて組換えDNA技術で生産する方法などにより取得することができるが、組換えDNA技術で取得する方法が好ましく用いられる。例えば、本発明のcDNAを有するベクターからインビトロ転写によってRNAを調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行なうことによりインビトロで蛋白質を発現できる。また翻訳領域を公知の方法により適当な発現ベクターに組換えてやれば、大腸菌、枯草菌、酵母、動物細胞等で、コードしている蛋白質を大量に生産することができる。

【0009】

本発明の蛋白質を、大腸菌などの微生物で生産させる場合には、微生物中で複製可能なオリジン、プロモーター、リボソーム結合部位、cDNAクローニング部位、ターミネーター等を有する発現ベクターに、本発明のcDNAの翻訳領域を組換えた発現ベクターを作成し、該発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養してやれば、該cDNAがコードしている蛋白質を微生物内で大量生産することができる。この際、任意の翻訳領域の前後に開始コドンと停止コドンを付加して発現させてやれば、任意の領域を含む蛋白質断片を得ることができる。あるいは、他の蛋白質との融合蛋白質として発現させることもできる。該融合蛋白質を適当なプロテアーゼで切断することによって該cDNAがコードする蛋白質部分のみを取得することもできる。

【0010】

本発明の蛋白質を、動物細胞で生産させる場合には、該cDNAの翻訳領域を、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する動物細胞用発現ベクターに組換え、動物細胞内に導入してやれば、本発明の蛋白質を膜蛋白質として細胞膜表面上で生産することができる。

【0011】

本発明の蛋白質には、配列番号1から配列番号18で表されるアミノ酸配列のいかなる部分アミノ酸配列を含むペプチド断片(5アミノ酸残基以上)も含まれる。これらのペプチド断片は抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、本発明の蛋白質の中でシグナル配列を有するものは、シグナル配列が除去された後、成熟蛋白質の形で細胞表面に出てくる。したがって、これらの成熟蛋白質は本発明の蛋白質の範疇にはいる。成熟蛋白質のN末端アミノ酸配列は、シグナル配列切断部位決定法[特開平8-187100号]を用いて容易に求めることができる。また、いくつかの膜蛋白質は、細胞表面でプロセッシングを受けて分泌型となる。このような分泌型となった蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。アミノ酸配列の中に糖鎖結合部位が存在すると、適当な動物細胞で発現させれば糖鎖が付加した蛋白質が得られる。したがって、このような糖鎖が付加した蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。

【0012】

本発明のDNAには、上記蛋白質をコードするすべてのDNAが含まれる。該DNAは、化学合成による方法、cDNAクローニングによる方法などを用いて取得することができる。

【0013】

本発明のcDNAは、例えばヒト細胞由来cDNAライブラリーからクローン化することができる。cDNAはヒト細胞から抽出したポリ(A)<sup>+</sup>RNAを鋳型として合成する。ヒト細胞としては、人体から手術などによって摘出されたものでも培養細胞でも良い。cDNAは、岡山-Berg法[Okayama, H. and Berg, P., Mol. Cell. Biol. 2:161~1

70 (1982)]、Gubler-Hoffman法 [Gubler, U. and Hoffman, J., Gene 25:263~269 (1983)] などいかなる方法を用いて合成してもよいが、完全長クローンを効率的に得るためには、実施例にあげたようなキャッピング法 [Kato, S. et al., Gene 163:193~196 (1995)] を用いることが望ましい。

【0014】

膜貫通ドメインを有するヒト蛋白質をコードするcDNAの第一次選別は、cDNAライブラリーから任意に選択したcDNAクローンの部分塩基配列決定、塩基配列がコードするアミノ酸配列の決定、得られたN末端アミノ酸配列領域内の疎水性部分の有無の確認によって行なう。次いでシーケンシングによる全塩基配列の決定、インビトロ翻訳による蛋白質発現によって第二次選別行なう。本発明のcDNAが、分泌シグナル配列を有する蛋白質をコードしていることの確認は、シグナル配列検出法 [Yokoyama-Kobayashi, M. et al., Gene 163:193-196 (1995)] を用いて行う。すなわち、ターゲット蛋白質のN末端をコードするcDNA断片を、ウロキナーゼのプロテアーゼドメインをコードするcDNAと融合させたのち、COS細胞内で発現させ、ウロキナーゼ活性が細胞培養液中に検出された場合には、挿入したcDNA断片がコードしている部分が、シグナル配列として機能していることを意味する。一方、ウロキナーゼ活性が培地中に検出できない場合には、N末端部は膜中に留まっていることを意味する。

【0015】

本発明のcDNAは、配列番号19から配列番号36で表される塩基配列あるいは配列番号37から配列番号54で表される塩基配列のいずれかを含むことを特徴とするものである。それぞれのクローン番号 (HP番号)、cDNAクローンが得られた細胞、cDNAの全塩基数、コードしている蛋白質のアミノ酸残基数をそれぞれ表1にまとめて示した。

【0016】

【表1】

表1

配列番号	HP番号	細胞	塩基数	アミノ酸 残基数
1、19、37	HP01263	肝臓	1502	382
2、20、38	HP01299	肝臓	1349	317
3、21、39	HP01347	肝臓	1643	296
4、22、40	HP01440	胃癌	729	197
5、23、41	HP01526	胃癌	1322	221
6、24、42	HP10230	胃癌	3045	251
7、25、43	HP10389	KB	653	106
8、26、44	HP10408	胃癌	439	78
9、27、45	HP10412	胃癌	1131	314
10、28、46	HP10413	胃癌	1875	195
11、29、47	HP10415	胃癌	1563	462
12、30、48	HP10419	胃癌	2030	247
13、31、49	HP10424	胃癌	493	113
14、32、50	HP10428	KB	2044	365
15、33、51	HP10429	胃癌	1043	226
16、34、52	HP10432	肝臓	972	129
17、35、53	HP10433	肝臓	695	163
18、36、54	HP10480	胃癌	1914	193

【0017】

なお、配列番号37から配列番号54のいずれかに記載のcDNAの塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドプローブを用いて、本発明で用いたヒト細胞株やヒト組織から作製したcDNAライブラリーをスクリーニングすることにより、本発明のcDNAと同一のクローンを容易に得ることができる。

【0018】

一般にヒト遺伝子は個体差による多型が頻繁に認められる。従って配列番号37から配列番号54において、1又は複数のヌクレオチドの付加、欠失および

／又は他のヌクレオチドによる置換がなされているcDNAも本発明の範疇にはいる。

【0019】

同様に、これらの変更によって生じる、1又は複数個のアミノ酸の付加、欠失および／又は他のアミノ酸による置換がなされている蛋白質も、配列番号1から配列番号18で表されるアミノ酸配列を有するそれぞれの蛋白質の活性を有する限り、本発明の範疇に入る。

【0020】

本発明のcDNAには、配列番号19から配列番号36で表される塩基配列あるいは配列番号37から配列番号54で表される塩基配列のいかなる部分塩基配列を含むcDNA断片(10bp以上)も含まれる。また、センス鎖およびアンチセンス鎖からなるDNA断片もこの範疇にはいる。これらのDNA断片は遺伝子診断用のプローブとして用いることができる。

【0021】

【実施例】

次に実施例により発明を具体的に説明するが、本発明はこれらの例に限定されるものではない。DNAの組換えに関する基本的な操作および酵素反応は、文献["Molecular Cloning, A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989]に従った。制限酵素および各種修飾酵素は特に記載の無い場合宝酒造社製のものを用了。各酵素反応の緩衝液組成、並びに反応条件は付属の説明書に従った。cDNA合成は文献[Kato, S. et al., Gene 150:243~250 (1994)]に従った。

【0022】

(1) ポリ(A)<sup>+</sup>RNAの調製

mRNAを抽出するためのヒト細胞として、類表皮癌細胞株KB(ATCC CRL 17)、手術によって摘出された胃癌組織並びに肝臓を用了。細胞株の培養は、常法に従って行った。

【0023】

ヒト細胞約1gを5.5Mグアニジウムチオシアネート溶液20ml中でホモジナイズした後、文献[Okayama, H. et al., "Methods in Enzymology" Vol. 164, Academic Press, 1987]に従い、総mRNAを調製した。これを20mMトリス塩酸緩衝液(pH7.6)、0.5MNaCl、1mMEDTAで洗浄したオリゴdTセルロースカラムにかけ、上掲文献に従いポリ(A)<sup>+</sup>RNAを得た。

【0024】

(2) cDNAライブラリーの作製

上記ポリ(A)<sup>+</sup>RNA10μgを100mMトリス塩酸緩衝液(pH8)に溶解し、RNaseを含まないバクテリア由来アルカリホスファターゼ1単位を添加し、37℃1時間反応させた。反応液をフェノール抽出後、エタノール沈殿を行ない、ペレットを50mM酢酸ナトリウム(pH6)、1mMEDTA、0.1%2-メルカプトエタノール、0.01%Triton X-100溶液に溶解した。これに、タバコ由来酸ピロホスファターゼ(エピセクターテクノロジーズ社製)1単位を添加して、総量100μlで37℃1時間反応させた。反応液をフェノール抽出後、エタノール沈殿を行ない、ペレットを水に溶解し、脱キャップ処理したポリ(A)<sup>+</sup>RNA溶液を得た。

【0025】

脱キャップ処理したポリ(A)<sup>+</sup>RNA、DNA-RNAキメラオリゴヌクレオチド(5'-dG-dG-dG-dG-dA-dA-dT-dT-dC-dG-dA-G-G-A-3')3nmolを50mMトリス塩酸緩衝液(pH7.5)、0.5mMATP、5mMMgCl<sub>2</sub>、10mM 2-メルカプトエタノール、25%ポリエチレングリコール水溶液に溶解し、T4RNAリガーゼ50単位を添加し、総量30μlで20℃12時間反応させた。反応液をフェノール抽出後、エタノール沈殿を行ない、ペレットを水に溶解し、キメラオリゴキャップ付加ポリ(A)<sup>+</sup>RNAを得た。

【0026】

本発明者らが開発したベクターpKA1(特開平4-117292号公報)をKpnIで消化後、末端転移酵素により約60個のdTテールを付加した。これ

をEcoRV消化して片側のdTテールを除去したものをベクタープライマーとして用いた。

# 【0027】

先に調製したキメラオリゴキャップ付加ポリ(A)<sup>+</sup>RNA 6  $\mu$ gを、ベクタープライマー1.2  $\mu$ gとアニールさせた後、50 mMトリス塩酸緩衝液(pH 8.3)、75 mM KCl、3 mM MgCl<sub>2</sub>、10 mMジチオスレイトール、1.25 mM dNTP (dATP + dCTP + dGTP + dTTP) 溶液に溶解し、逆転写酵素(GIBCO-BRL社製) 200単位を添加し、総量20  $\mu$ lで42℃1時間反応させた。反応液をフェノール抽出後、エタノール沈殿を行ない、ペレットを50 mMトリス塩酸緩衝液(pH 7.5)、100 mM NaCl、10 mM MgCl<sub>2</sub>、1 mMジチオスレイトール溶液に溶解した。これにEcoRI 100単位を添加し、総量20  $\mu$ lで37℃1時間反応させた。反応液をフェノール抽出後、エタノール沈殿を行ない、ペレットを20 mMトリス塩酸緩衝液(pH 7.5)、100 mM KCl、4 mM MgCl<sub>2</sub>、10 mM (NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>、50  $\mu$ g/ml 牛血清アルブミン溶液に溶解した。これに大腸菌DNアリガーゼ60単位を添加し、16℃16時間反応させた。反応液に2 mM dNTP 2  $\mu$ l、大腸菌DNAポリメラーゼI 4単位、大腸菌RNase H0.1単位を添加し、12℃1時間ついで22℃1時間反応させた。

# 【0028】

次いでcDNA合成反応液を用いて大腸菌DH12S(GIBCO-BRL社製)の形質転換を行なった。形質転換はエレクトロポレーション法によって行なった。形質転換体の一部を100  $\mu$ g/mlアンピシリン含有2xYT寒天培地上に蒔いて37℃一晚培養した。寒天上に生じた任意のコロニーを拾い100  $\mu$ g/mlアンピシリン含有2xYT培地2 mlに接種して37℃で一晚培養した。培養液を遠心して、菌体からアルカリリシス法によりプラスミドDNAを調製した。プラスミドDNAはEcoRIとNotIで二重消化した後、0.8%アガロースゲル電気泳動を行ないcDNAインサートの大きさを求めた。また、得られたプラスミドを鋳型にして、蛍光色素で標識したM13ユニバーサルプライマーとTaqポリメラーゼ(アプライドバイオシステムズ社製キット)を用いて

シーケンス反応を行なった後、蛍光DNAシーケンサー（アプライドバイオシステムズ社）にかけてcDNAの5'末端約400bpの塩基配列を決定した。配列データはホモ・プロテインcDNAバンクデータベースとしてファイル化した。

【0029】

(3) 膜貫通ドメインを有する蛋白質をコードしているcDNAの選択

ホモ・プロテインcDNAバンクに登録された塩基配列を3フレームのアミノ酸配列に変換し、開始コドンから始まるオープンリーディングフレーム（ORF）の有無を調べた。次いでORFがコードしている部分のN末端に分泌蛋白質に特有なシグナル配列が認められるものを選択した。これらのクローンについては、エキソヌクレアーゼIIIによる欠失法を用いて、5'並びに3'両方向からシーケンシングを行い、全塩基配列の決定を行った。ORFがコードしている蛋白質について、Kyte-Doolittleの方法[Kyte, J & Doolittle, R. F., J. Mol. Biol. 157:105~132 (1982)]により、疎水性／親水性プロフィールを求め、疎水性領域の有無を調べた。コードしている蛋白質のアミノ酸配列中に膜貫通ドメインと思われる疎水的な領域がある場合には、この蛋白質は膜蛋白質であると見なした。

【0030】

(4) 分泌シグナル検出ベクターpSSD3の構築

SV40プロモーターとウロキナーゼのプロテアーゼドメインcDNAを有するpSSD1[Yokoyama-Kobayashi, M. et al., Gene 163:193~196 (1995)] 1μgを、BglII 5単位とEcoRV 5単位で消化した。ついでCIP処理によって5'末端の脱リン酸化を行った後、アガロースゲル電気泳動によって約4.2kbpのDNA断片をゲルから切り出し精製した。

【0031】

2本のオリゴDNAリンカーL1 (5' -GATCCCGGGTCACGTGGGAT-3') とL2 (5' -ATCCCACGTGACCCGG-3') を合成し、T4ポリヌクレオチドキナーゼによりリン酸化した。両者をアニールし

たのち、先に調製した pSSD1 の切断片と T4 DNA リガーゼにより連結し、大腸菌 JM109 を形質転換した。形質転換体からプラスミド pSSD3 を調製し、リンカー挿入部分の塩基配列を決定することにより目的とする組換え体を確認した。得られたプラスミドの構造を図 1 に示す。本プラスミドベクターは、ポリクローニング部位に 3 種の平滑末端生成制限酵素部位、Sma I、Pma CI、EcoRV を有している。これらの切断部位は 7 bp の間隔で並んでいるので、この中のいずれかを選べば、挿入する cDNA 断片の 3 種のフレームと合わせて融合蛋白質を発現するベクターを構築できる。

【0032】

#### (5) 分泌シグナル配列の機能確認

上記工程の結果得られた分泌蛋白質候補クローンについて、N 末端の疎水性領域が分泌シグナル配列として機能することを、文献記載の方法 [Yokoyama-Kobayashi, M. et al., Gene 163:193~196 (1995)] によって確認した。まずターゲット cDNA を含んでいるプラスミドを、分泌シグナル配列をコードしていると考えられる部分の下流に存在する適当な制限酵素部位で切断した。もしこの制限酵素部位が突出末端である場合には、クレノウ処理やマングビーンヌクレアーゼ処理によって平滑末端にした。さらに HindIII による消化を行い、SV40 プロモーターとその下流に分泌シグナル配列をコードしている cDNA を含む DNA 断片をアガロースゲル電気泳動によって単離した。この断片を、pSSD3 の HindIII と、ウロキナーゼのコーディングフレームと合うように選択した制限酵素部位の間に挿入し、ターゲット cDNA の分泌シグナル配列部分とウロキナーゼプロテアーゼドメインの融合蛋白質を発現するためのベクターを構築した。

【0033】

融合蛋白質発現ベクターを有する大腸菌 (宿主: JM109) を  $100 \mu\text{g}/\text{ml}$  アンピシリン含有 2xYT 培地 2 ml 中で  $37^\circ\text{C}$  2 時間培養した後、ヘルパーファージ M13KO7 ( $50 \mu\text{l}$ ) を添加し、 $37^\circ\text{C}$  で一晩培養した。遠心によって分離した上澄からポリエチレングリコール沈殿によって一本鎖ファージ粒子を得た。これを  $100 \mu\text{l}$  の  $1 \text{ mM}$  トリス- $0.1 \text{ mM}$  EDTA、pH 8 (T

E)に懸濁した。また対照として、pSSD3、並びにウロキナーゼの完全長cDNAを含むベクターpKA1-UPA [Yokoyama-Kobayashi, M. et al., Gene 163:193-196 (1995)] から同様に調製した一本鎖ファージ粒子懸濁液を用いた。

【0034】

サル腎臓由来培養細胞COS7は、10%ウシ胎児血清を含むダルベッコ改変イーグル (DMEM) 培地中、5%CO<sub>2</sub>存在下、37℃で培養した。1×10<sup>5</sup>個のCOS7細胞を6穴プレート (ヌンク社、穴の直径3cm) に植え、5%CO<sub>2</sub>存在下、37℃で22時間培養した。培地除去後、リン酸緩衝液で細胞表面を洗浄し、さらに50mMトリス塩酸 (pH7.5) を含むDMEM (TDMEM) で再度洗浄した。この細胞に一本鎖ファージ懸濁液1μl、DMEM 培地0.6ml、TRANSFECTAM™ (IBF社) 3μlを懸濁したものを添加し、5%CO<sub>2</sub>存在下、37℃で3時間培養した。サンプル液を除去後、TDMEMで細胞表面を洗浄し、10%ウシ胎児血清含有DMEMを1穴あたり2ml加え、5%CO<sub>2</sub>存在下、37℃にて2日間培養した。

【0035】

2%ウシフィブリノーゲン (マイルス社)、0.5%アガロース、1mM塩化カルシウムを含む50mMリン酸緩衝液 (pH7.4) 10mlに10単位のヒトトロンビン (持田製薬) を加え、直径9cmのプレート中で固化させ、フィブリンプレート調製した。トランスフェクションしたCOS7細胞の培養上清10μlをフィブリンプレートに載せ、37℃15時間インキュベートした。得られた溶解円の直径をウロキナーゼ活性の指標とした。もし、cDNA断片が分泌シグナル配列として機能するアミノ酸配列をコードしている場合には、融合蛋白質が分泌され、そのウロキナーゼ活性による溶解円を形成する。したがって、溶解円を形成しない場合には、融合蛋白質が膜にトラップされたままになっており、cDNA断片は膜貫通ドメインをコードしていると考えられる。

【0036】

(6) インビトロ翻訳による蛋白質合成

本発明のcDNAを有するプラスミドベクターを用いて、T<sub>N</sub>Tウサギ網状赤

血球溶解物キット（プロメガ社製）によるインビトロ転写／翻訳を行なった。この際 [ $^{35}\text{S}$ ] メチオニンを添加し、発現産物をラジオアイソトープでラベルした。いずれの反応もキットに付属のプロトコールに従って行なった。プラスミド2  $\mu\text{g}$  を、TNTウサギ網状赤血球溶解物12.5  $\mu\text{l}$ 、緩衝液（キットに付属）0.5  $\mu\text{l}$ 、アミノ酸混合液（メチオニンを含まない）2  $\mu\text{l}$ 、[ $^{35}\text{S}$ ] メチオニン（アマーシャム社）2  $\mu\text{l}$ （0.37 MBq/ $\mu\text{l}$ ）、T7 RNAポリメラーゼ0.5  $\mu\text{l}$ 、RNasin 20 Uを含む総量25  $\mu\text{l}$ の反応液中で30℃で90分間反応させた。反応液3  $\mu\text{l}$ にSDSサンプリングバッファー（125 mMトリス塩酸緩衝液、pH 6.8、120 mM2-メルカプトエタノール、2% SDS溶液、0.025%プロモフェノールブルー、20%グリセロール）2  $\mu\text{l}$ を加え、95℃3分間加熱処理した後、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動にかけた。オートラジオグラフィーを行ない、翻訳産物の分子量を求めた。

【0037】

（7）クローン例

<HP01263>（配列番号1、19、37）

ヒト肝臓cDNAライブラリーから得られたクローンHP01263のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、36 bpの5' 非翻訳領域、1149 bpのORF、316 bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは382アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に1箇所の膜貫通ドメインが存在した。図2にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。本蛋白質のN末端120アミノ酸残基をコードしているcDNA部分を含むHindIII-SspI断片をpSSD3のHindIII-SmaI部位に挿入した発現ベクターをCOS7細胞に導入したが、ウロキナーゼの分泌は認められず、膜表面にウロキナーゼ活性が検出されたことから、本蛋白質は膜に留まっていることが示された。従って、本蛋白質はII型膜蛋白質であると思われる。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量42,054にほぼ一致する42 kDaの翻訳産物が生成した。

【0038】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト $\alpha$ -2-HS-グリコプロテイン (SWISS-PROTアクセション番号 P02765) と類似性を有していた。表2に、本発明のヒト蛋白質 (HP) とヒト $\alpha$ -2-HS-グリコプロテイン (GP) のアミノ酸配列の比較を示す。— はギャップを、\* は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は25.5%の相同性を有していた。システインの位置が保存されており、この領域はシスタチン (チオールプロテイナーゼインヒビター) と類似性がある。他にも、ヒスチジン-リッチグリコプロテイン (P04196、30.9%/194アミノ酸残基)、キニノーゲン (P01045、24.1%/261アミノ酸残基)、チロシンキナーゼインヒビター (A32827、24.4%/291アミノ酸残基) などと類似性が認められる。

【0039】

【表2】

表2

HP	MGLLLPLALCILVLCGAMSPQLALNPSALLSR--GCNDSVDLAVAGFALRDINKDRKD
	.*. ** ... . * . . . . * . * . . . . * . * . . . .
GP	MKSLVLLLCLAQLWGCHSAPHGPGLIYRQPNCDPETEEAALVAIDYINQNLPW
HP	GYVLRNRVND AQEYRRGGLGSLFYLTLDVLETDCHVLRKKAWQDCGMRIFFE-SVYGQC
	** ** . . . . . * . ** . . . * . * . * . * . . . * . . . * . * . *
GP	GYKHTLNQIDEVKVWPQQPSGELFEIEIDTLETTCHVLDPTPVARCSVRQLKEHAVEGDC
HP	K-AIFYMNNPSRVLYLAAYNCTLRPVSKKKIYMTCPDCPSSIPTDSSNHQVLEAATESLA
	. . . . . * . * . * . * . * . . . * . * . * . * . * . . . * . * . . . *
GP	DFQLLKLDGKFSVY--AKCDSSPDSAEDVRKVCQDCPLLAPLN--DTRVVHAAKAALA
HP	KYNNENTSKQYSLFKVTRASSQWVGPSYFVEYLIKESPC--TKSQASSCSLQSSDSVP
	. * . * . . . . * . . . . * . * . * . . . * . . . * . * . * . . .
GP	AFNAQNNGSNFQLEEISRAQLV-PLPPSTYVEFTVSGTDCVAKEATEAAKCNLLAEKQY-
HP	VGLCKGSLTRTHWEKFVSVTCDFESQAPATGSESAVNQK-PTNLPKVEESQQKNTPTPT

\*.\*\*.\*. . . \*.\*\*\*. \*.\*. . . .\*. \*\* . . . . .  
 GP -GFCKATLSEKLGAEVAVTCTVFQTQPVTSQPQPEGANEAVPTPVVDPDAPPSPLGAP  
 HP DSPSKAGPRGSVQYLPDLDDKNSQEKGPQEAFFVHLDLTNPQGETLDISFLFLEPMEEK  
 . \*.\*\*.\*. \*.  
 GP GLPPAGSPDASHVLLAAPPQGHQLHRAHYDLRHTFMGVVSLGSPSGEVSHPRKTRTVVQPS  
 HP LVVLPFPKEKARTAECPGPAQNASPLVLP  
  
 GP VGAAAGPVVPPCPGRIRHFKV

【0040】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号H57204）が存在したが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。なお、本cDNAとマッチするESTのほとんどは、肝臓のcDNAライブラリーから得られており、本クローンは肝臓で特異的に発現しているものと思われる。

【0041】

本蛋白質は、II型膜蛋白質であることから、C末端側が細胞外に出て膜表面でレセプターとして、あるいはプロセッシングを受けた後血清中に分泌されて機能していると思われる。シスタチン様ドメインを有することから、プロテイナーゼインヒビター活性を有し、他のこのファミリーと同様に多くの生理活性を有していると考えられる。しかも、肝臓細胞で特異的に発現していることから、肝臓の機能維持に大きな役割をはたしていると考えられる。

【0042】

<HP01299> (配列番号2、20、38)

ヒト肝臓cDNAライブラリーから得られたクローンHP01299のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、110bpの5' 非翻訳領域、954bpのORF、285bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは317アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、2箇所以上の膜貫

通ドメインが存在した。図3にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量35,965にほぼ一致する32kDaの翻訳産物が生成した。

【0043】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ラットレチノールデヒドロゲナーゼ(NBRFアクセション番号A55884)と類似性を有していた。表3に、本発明のヒト蛋白質(HP)とラットレチノールデヒドロゲナーゼ(RN)のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、全領域にわたって65.3%の相同性を有していた。

【0044】

【表3】

表3

HP	MWLYLAAFVGLYLLHWYRERQVVSHLQDKYVFITGCDSGFGNLLARQLDARGLRVLAAC
	***** *.***. **. .***.***** ***** **.******
RN	MWLYLLALVGLWNLRLFRERKVVSHLQDKYVFITGCDSGFGNLLARQLDRRGMRVLAAC
HP	LTEKGAEQLRGQTSRLETVTLDVTKMESIAAATQWVKEHVGDRLWGLVNNAGILTPIT
	*****.*****.***** ***.*****.***.***** ***** .*..
RN	LTEKGAEQLRSKTSRLETVILDVTKTESIVAATQWVKERVGNRGLWGLVNNAGISVPVG
HP	LCEWLNTEDSNMLKVNLIQVITLSMLPLVRRARGRIVNVSSILGRVAFFVGGYCVSK
	**...* ..*.***.***.***.*****.***.***.***... *****.**
RN	PNEWMRKKDFASVLDVNLLGVIEVTNLMLPLVRKARGRVVNIASMTGRMSLVGGGYCISK
HP	YGVEAFSDILRREIQHFGVKISIVEPGYFRTGMTNMTQSLERMKQSWKEAPKHIKETYGQ
	***** ****. .****.*.*** *.***.***. ....*. *.....**.**.
RN	YGVEAFSDSLRRELTYFGVKVAIIIEPGGFTNVTNMERLSNLLKLDQTTTEEVKEIYGE
HP	QYFDALYNIMKEGLLNCSTNLNLVTDCEHALTSVHPRTSYSAGWDAKFFFIPLSYLPTS

```

.. *. . *.. . **..*.***** *****.*****..*.*****
RN  KFQDSYNKAMESLVNTCSGDLVLVDCMEHALTSCHPRTRYSPGWDARFFYLPMSYLPF
HP  LADYILTRSWPKPAQAV
    *. * .. .. ***.*.
RN  LSDAVIHWGSVKPARAL

```

---

【0045】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号R35197）が存在したが、いずれも本cDNAより短く、開始コドンから含んでいるものは見いだせなかった。

【0046】

ラットレチノールデヒドロゲナーゼは、肝臓におけるレチノイン酸生合成に関与するミクロソーム膜蛋白質として見いだされた[Chai, X. et al., J. Biol. Chem. 270:28408-28412 (1995)]。したがって、そのホモログである本発明の蛋白質も、同様の機能を有していると考えられ、この蛋白質の異常に起因する病気の診断や治療に用いることができる。

【0047】

<HP01347> (配列番号3、21、39)

ヒト肝臓cDNAライブラリーから得られたクローンHP01347のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、24bpの5' 非翻訳領域、891bpのORF、728bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは296アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に1箇所の膜貫通ドメインが存在した。図4にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。本蛋白質のN末端73アミノ酸残基をコードしているcDNA部分を含むHindIII-SacI断片（マンガニンヌクレアーゼ処理）をpSSD3のHindIII-EcoRV部位に挿入した発現ベクターをCOS7細胞に導入したが、ウロキナーゼの分泌は認め

られず、膜表面にウロキナーゼ活性が検出されたことから、本蛋白質は膜に留まっていることが示された。従って、本蛋白質はⅡ型膜蛋白質であると思われる。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量33,527にほぼ一致する33 kDaの翻訳産物が生成した。

【0048】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトHIV外核糖蛋白質gp120結合C型レクチン(GenBankアクセシオン番号M98457)と類似性を有していた。表4に、本発明のヒト蛋白質(HP)とヒトHIV外核糖蛋白質gp120結合C型レクチン(CL)のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は284アミノ酸残基にわたって85.6%の相同性を有していた。膜貫通ドメインの下流に、Ile-Tyr-Gln-Xaa-Leu-Thr-Xaa-Leu-Lys-Ala-Ala-Val-Gly-Glu-Leu-Xaa-Xaa-Xaa-Ser-Lys-Xaa-Gln-Xaaが7回繰り返す配列が認められた。

【0049】

【表 4】

表 4

```

HP  MSDSKEPRVQQLGLL-----GCLGHGALVLQLLSFMLLAGVLVAI
*****.*****          *****.***** ***
CL  MSDSKEPRLQQLGLLEEEQLRGLGFRQTRGYKSLAGCLGHGPLVLQLLSFTLLAG---L
HP  LVQVSKVPSSLSQEQSEQDAIYQNLTLKAAVGESEKSKLQEIYQELTLKAAVGEPE
*****.***** *****
CL  LVQVSKVPSSISQEQSRQDAIYQNLTLKAAVGESEKSKLQEIYQELTLKAAVGEPE
HP  KSKLQEIYQELTRLKAAVGEPEKSKLQEIYQELTRLKAAVGEPEKSKLQEIYQELTRL
*****.*****.*****
CL  KSKLQEIYQELTRLKAAVGEPEKSKLQEIYQELTWLKAAVGEPEKSKMQEIYQELTRL
HP  KAAVGEPEKSKLQEIYQELTELKAAVGEPEKSKLQEIYQELTLKAAVGEPLDQSKQQ

```

```

*****
CL KAAVGELPEKSKQQEIQELTRLKAAVGELPEKSKQQEIQELTRLKAAVGELPEKSKQQ
HP QIQELTDLKTAFERLCRHCPKDWTFQGNCFMSNSQRNWHDSVTACQEVRAQLVVIKT
.*****.*.* ****.*.* .*****.***.* *****.
CL EIQELTQLKAAVERLCHPCPWEWTFQGNCFMSNSQRNWHDSITACKEVGAQLVVIKS
HP AEEQLPAVLEQWRTQQ
****  *  *...
CL AEEQNFLQLQSSRSNRFTWMGLSDLNQEGTWQWVDGSPLLPSFKQYWNRGEPNNVGEEDC

```

【0050】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号H90360）が存在したが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0051】

本蛋白質は、II型膜蛋白質であることから、C末端側が細胞外に出て膜表面でレセプターとして、あるいはプロセッシングを受けた後血清中に分泌されて機能していると思われる。なお、本蛋白質と高い相同性を有するヒトHIV外核糖蛋白質gp120結合C型レクチンは、CD4非依存性のHIVレセプターとして見いだされたものである[Curtis、B. M. et al.、Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:8356-8360(1992)]

【0052】

<HP01440> (配列番号4、22、40)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP01440のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、37bpの5' 非翻訳領域、594bpのORF、98bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは197アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4箇所の膜貫通ドメインが存在した。図5にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の

疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量20,822にほぼ一致する21kDaの翻訳産物が生成した。

【0053】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト腫瘍関連抗原L6（SWISS-PROTアクセション番号P30408）と類似性を有していた。表5に、本発明のヒト蛋白質（HP）とヒト腫瘍関連抗原L6（L6）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、．は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、全領域にわたって47.0%の相同性を有していた。

【0054】

【表5】

表5

---

HP	MCTGKCARCVGLSLITLCLVCIVANALLVPNGETSWTNTNHLSQLQVWLMGGFIGGGLMV
	** *****.* **.* *.**.* ** *****.....**** **....*..****..
L6	MCYGKCARCIGHSLVGLALLCIAANILLYFPNGETKYASENHLRSFVWFFSGIVGGGLLM
HP	LCPG---IAAVRAGGKGCCGAGCCGNRCMLRSVFSSAFGVLGAIYCLSVSGAGLRNGPR
	* *. * . . . **** . **. ** *.**.... *. *. **. *.. ** .**
L6	LLPAFVFIGLEQDDCCGCCGHENCGKRCAMLSSVLAALIGIAGSGYCVIVAALGLAEGPL
HP	CLMN-GEWGYHFEDTAGAYLLNRTLWDRCEAPPRVVPWNVTLFSLVAASCLEIVLCGIQ
	** . *.**.* **..**.*.***. . *. *..* ..* ***.***.*.* .*.** **
L6	CLDSLQWNYTFASTEGQYLLDTSTWSECTEPKHIVEWNVSLFSILLALGGIEFILCLIQ
HP	LVNATIGVFCGDCRKKQDTPH
	..*...* .** * ..*.
L6	VINGVLGGICGFCCSHQQQYDC

---

【0055】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有し、かつ開始コドンから含んでいるもの（例

えば、アクセシオン番号T55097)が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

【0056】

ヒト腫瘍関連抗原L6は、ヒト腫瘍の細胞表面に大量に発現している膜抗原TM4スーパーファミリー蛋白質の一つである[Marken, J. S. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:3503-3507 (1992)]。これらの膜抗原は、ある特定の細胞や癌細胞に特異的に発現しているので、これに対する抗体を作製すれば、各種診断やドラッグデリバリー用キャリアーとして利用できる。また、これらの膜抗原遺伝子を導入して膜抗原を発現させた細胞は、対応するリガンドの検出などに応用できる。

【0057】

<HP01526> (配列番号5、23、41)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP01526のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、83bpの5'非翻訳領域、666bpのORF、573bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは221アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、6箇所の膜貫通ドメインと思われる疎水性領域が存在した。図6にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量25,030にほぼ一致する23kDaの翻訳産物が生成した。

【0058】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、マウス間質細胞蛋白質(GenBankアクセシオン番号X96618)と類似性を有していた。表6に、本発明のヒト蛋白質(HP)とマウス間質細胞蛋白質(MM)のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、全領域にわたって79.6%の相同性を有していた。

【0059】

【表6】

表 6

---

```

HP MEAGGFDSLIIYGACVVFTLGMFSAGLSDLRHRMTRSDNVQFLPFLTTEVNNLGWLSY
    ***** **.. .***.*****.*****.*****.*****.*****.*****
MM MEAGGVADSLSSACVLFTLGMFSTGLSDLRHMQRTRSDNIQFLPFLTDDVNNLSWLSY
HP GALKGDGILIVVNTVGAALQTLTYILAYLHYCPKRKRVLLQTATLLGVLLLGYGFWLLVP
    *.*****.**.**.***.*****.*****.*.*.*****.*****
MM GVLKGDGTLIIVNSVGAQLTLYILAYLHYSPPKHGVLLQTATLLAVLLLGYGFWLLVP
HP NPEARLQQLGLFCSVFTISMVLSPLADLAKVIQTKSTQCLSYPLTIATLLTSASWCLYGF
    .*****.*****.*****.*****.*****.*****.*****.*****
MM DLEARLQQLGLFCSVFTISMVLSPLADLAKVIQTKSTQRLSFSLTATLFCSSASWSIYGF
HP RLRDPYIMVSNFPGIVTSFIRFWLFWKYPQEQRNYWLLQT
    ***** *.**.*.***.**.*. ** ***.****.*.****
MM RLRDPYIAVPNLPGLTSLIRLGLFCKYPPEQDRKYRLLQT

```

---

【0060】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有し、かつ開始コドンから含んでいるもの（例えば、アクセション番号 H02682）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本 cDNA と同じ ORF は見いだせなかった。

【0061】

マウス間質細胞蛋白質は、サイトカインで刺激した間質細胞で発現が著しく増加する膜蛋白質としてクローン化された [Tagoh, H. et al., Biochem. Biophys. Res. Commun. 221:744-749 (1996)]。これらの膜蛋白質は、ある特定の細胞や癌細胞に特異的に発現しているので、これに対する抗体を作製すれば、各種診断やドラッグデリバリー用キャリアーとして利用できる。また、これらの膜抗原遺伝子を導入して膜抗原を発現させた細胞は、対応するリガンドの検出などに応用できる。

【0062】

<HP10230> (配列番号6、24、42)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10230のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、190bpの5' 非翻訳領域、756bpのORF、2099bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは251アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、少なくとも一箇所の膜貫通ドメインが存在した。図7にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量28,800にほぼ一致する30kDaの翻訳産物が生成した。

【0063】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質F25D7.1 (GenBankアクセション番号Z78418) と類似性を有していた。表7に、本発明のヒト蛋白質 (HP) と線虫仮想蛋白質F25D7.1 (CE) のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、全領域にわたって49.8%の相同性を有していた。

【0064】

【表7】

表7

HS	MSDIGDWFRSIPAITRYWFAATVAVPLVGKLGISPAYLFL-WPEAFLYRFQIWRPITAT
	*..... ** .***** *.. **.*.*.*. ....** * . . **.***.*
CE	MDLENFLLGIPVTRYWFLASTIIPLLGRFGFINVQWMFLQW-DLVVNKFQFWRPLTAL
HS	FYFPVPGTGFLYLVNLYFLYQYSTRLETGAFDGRPADYLFMLLFNW-ICIVITGLANDM
	.*.**.* *** .* .****.*. **.... **.*****.*** .* . *.*.
CE	IYYPVTPQTGFHWLMICYFLYNYSKALESETYGRSADYLFMLIFNWFFCSGLC-MALDI
HS	QLLMIPLIMSVLYVWAQLNRDMIVSFWFGTRFKACYLPWVILGFNYIIGGSVINELIGNL
	.*.*...***** *.*.* ***** ** * *****. *** .. *.****.* *
CE	YFLEPMHVISVLYVWCQVNKDTIVSFWFGMRFPARYLPWVLWGFNAVLRCGGTNELVGIL

HS VGHLYFFLMFRYPMDLGGRNFLSTPQFLYRWLPSRRGGVSGFGVPPASMRRAADQNGGGG

\*\*\* \*\*\*, ..\*\* . \* ...\*\*\*,\*\*\*. \* .\*, \*\* . \* \* \* \* \*

CE VGHAYFFVALKYPDEYGV-DLISTPEFLHRLIPDEDEGGIHG---QDGNIRGARQQPRG--

HS RHNW---GQGFRLGDQ

\* \* \* \* \*

CE -HQWPGGVGARLGCN

# 【0065】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有し、かつ開始コドンから含んでいるもの（例えば、アクセション番号W01493）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

# 【0066】

<HP10389>（配列番号7、25、43）

ヒト類表皮癌細胞株KBcDNAライブラリーから得られたクローンHP10389のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、62bpの5' 非翻訳領域、321bpのORF、270bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは106アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、2箇所の膜貫通ドメインと思われる疎水性領域が存在した。図8にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量11,528にほぼ一致する12kDaの翻訳産物が生成した。

# 【0067】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、類似性を有する既知蛋白質はなかった。また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号H70816）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

# 【0068】

<HP10408> (配列番号8、26、44)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10408のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、74bpの5' 非翻訳領域、237bpのORF、128bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは78アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端にシグナル配列と思われる配列を、また内部に1箇所の膜貫通ドメインと思われる配列を有していた。図9にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。本蛋白質のN末端70アミノ酸残基をコードしているcDNA部分を含むHindIII-BglII断片(クレノウ処理)をpSSD3のHindIII-EcoRV部位に挿入した発現ベクターをCOS7細胞に導入したが、ウロキナーゼの分泌は認められず、本蛋白質は膜に留まっていることが示された。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量8,396にほぼ一致する9kDaの翻訳産物が生成した。

【0069】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセション番号T94049)が存在したが、本cDNAより短く、開始コドンから含んでいるものは見いだせなかった。

【0070】

<HP10412> (配列番号9、27、45)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10412のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、55bpの5' 非翻訳領域、945bpのORF、131bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは314アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に1箇所の膜貫通ドメインが存在した。図10にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。本蛋白質のN末端65アミノ酸残基をコードしているcDNA部分を含むHindIII-ApaI(マングベーンヌクレアーゼ処理)断片をpSSD3のHindIII-EcoRV部位に挿入した発現ベクターをCOS7細胞に導入したが、ウロキナーゼの分泌は認

【0071】

【0072】

表 8

26

.\*\*.\*\*. . \*.\*.

CE QSNRLIRLETPSAAE

【0073】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号T09311）が存在したが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0074】

<HP10413>（配列番号10、28、46）

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10413のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、78bpの5' 非翻訳領域、588bpのORF、1209bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは195アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に1箇所の膜貫通ドメインが存在した。図11にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。本蛋白質のN末端65アミノ酸残基をコードしているcDNA部分を含むHindIII-PmaCI断片をpSSD3のHindIII-PmaCI部位に挿入した発現ベクターをCOS7細胞に導入したが、ウロキナーゼの分泌は認められず、本蛋白質は膜に留まっていることが示された。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量21,671よりやや大きい28kDaの翻訳産物が生成した。

【0075】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ブタステロイド膜結合蛋白質（GenBankアクセシオン番号X99714）と類似性を有していた。表9に、本発明のヒト蛋白質（HP）とブタステロイド膜結合蛋白質（SS）のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、全領域で96.4%の相同性を有していた。

【0076】

【表9】

表9

---

```

HP  MAAEDVVATGADPSDLESGGLLHEIFTSPLNLLLGLCIFLLYKIVRGDQPAASGDSDDD
    *****.*****.**.*****
SS  MAAEDVAATGADPSELEGGGLLHEIFTSPLNLLLGLCIFLLYKIVRGDQPAAS-DSDDD
HP  EPPPLPRLKRRDFTPaelRRFDGVQDPRILMAINGKVFdvTKGRKFYGPgPYGVfAGRD
    *****
SS  EPPPLPRLKRRDFTPaelRRFDGVQDPRILMAINGKVFdvTKGRKFYGPgPYGVfAGRD
HP  ASRGLATfCLdKEAlKdEYDDLSdLTAAQqETLSDWESQfTFKYHHVgKLLKEGEEPTVY
    *****.*****.**.*****
SS  ASRGLATfCLdKEAlKdEYDDLSdLTPAQqETLNDWDSQfTFKYHHVgKLLKEGEEPTVY
HP  SDEEEPkDESARKND
    *****
SS  SDEEEPkDESARKND
    
```

---

【0077】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA021062）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

【0078】

<HP10415> (配列番号11、29、47)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10415のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、71bpの5' 非翻訳領域、1389bpのORF、103bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは462アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に1箇所の膜貫通ドメインが存在した。図12にKyte-Doolittleの方法で求

めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量52,458よりやや小さい48kDaの翻訳産物が生成した。

【0079】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、チトクロームP450、たとえばサルチトクロームP450IIIA8 (SWISS-PROTアクセション番号P33268)と類似性を有していた。表10に、本発明のヒト蛋白質(HP)とサルチトクロームP450IIIA8(CP)のアミノ酸配列の比較を示す。—はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、全領域で21.3%の相同性を有していた。

【0080】

【表10】

表10

HP	MLDFAIFAVTFLALVGAVLYLYPASRQAAGIPGITPTEEKDGNLPDIVN-SGSLHEF
	.***. . .**** . . . . . * . . * . * . . . . *
CP	MDLIPDLAVETWLLAVTLVLLYLYGTHSHGLFKKLGIPGPTPLLLGNILSYRKGFMTF
HP	LVLNHERYGPVVSFWFGRRLVVS LGTVDLKQHINPNKTLDPFETMLK-SLLRYQSGGGS
	. . . . ** * . * . ** . * . . . . . * . . . * . . . . . *
CP	DMECYKKYGVWGFYDGRQPVLAITDPNMIK-TVLVKECYSVFTNRRPFGPVGFMKNAIS
HP	VSEN——HMRKKLYENGVTDSLKSNFALLKLSEELLDKWSYPET-QHVPLSQHMLGF
	. * . . . * . * . . . . ** . . . * . * . . . ** * . * . . . .
CP	IAEDEEWKRIRSLLSPTFTSGKLEKEMVPIIAKYGDVLRNLRREAETGKPVTLKDVFGAY
HP	AMKSVTQVMG———STF-EDDQEVIRFQKNHGTWVSEIGKGLDGS LD——KNM
	. * . * . * . . . * . * . . . . * . . * . * . .
CP	SMDVITSTSGVNIIDSLNNPQDPFVENTKKLLRFDFLDPFELSITIFPFIIPILEVLNIS
HP	TRKKQYEDALMQ-LESVLRNIKE-RKGR-NFSQHIF——IDSLVQGNLNDQQILED S
	. . . . * . . . . . * . * . * . * . . . . . * . * . . . *

【0081】

【0082】

【0083】

ヒト胃癌 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10419 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、170bp の 5' 非翻訳領域、744bp の ORF、1116bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 247 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、7 箇所の膜貫通ドメインと思われる疎水性領域が存在した。図 13 に K y t e - D o o l i t t

1eの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。

【0084】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA340663）が存在したが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0085】

<HP10424>（配列番号13、31、49）

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10424のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、97bpの5' 非翻訳領域、342bpのORF、54bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは113アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に1箇所の膜貫通ドメインが存在した。図14にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。本蛋白質のN末端58アミノ酸残基をコードしているcDNA部分を含むHindIII-AccI断片（クレノウ処理）をpSSD3のHindIII-SmaI部位に挿入した発現ベクターをCOS7細胞に導入したが、ウロキナーゼの分泌は認められず、本蛋白質は膜に留まっていることが示された。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量12,784よりやや大きい14kDaの翻訳産物が生成した。

【0086】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号AA401979）が存在したが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0087】

<HP10428>（配列番号14、32、50）

ヒト類表皮癌細胞株KBcDNAライブラリーから得られたクローンHP10428のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、287bpの5' 非翻訳領域、1098bpのORF、659bpの3' 非翻訳領域からなる構造

を有していた。ORFは365アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、9箇所の膜貫通ドメインと思われる疎水性領域が存在した。図15にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、明瞭なバンドは認められず、高分子量の位置にスミアなバンドが認められた。

【0088】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、パン酵母仮想膜蛋白質YML038c (NBRFアクセシオン番号S49741) と類似性を有していた。表11に、本発明のヒト蛋白質 (HP) とパン酵母仮想膜蛋白質YML038c (SC) のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、N末端側281アミノ酸残基の領域にわたって26.3%の相同性を有していた。

【0089】

【表11】

表11

HP	MGRWALDVAFLWKA VLTGLVL-LYYCFSIGITFYNKWL-----TKSFHFPLEMTMLHLA
	*..* . * . * . . . . . * . . . . * . . . . *
SC	MNRTVFLAFVFGWYFCS-IALSIYNRWMFDPKDGLGIGYPVLVTTFHQA
HP	VIFLFSALSRA LVQ---CSSHRARVVL SWADYLRRVAPTALATALDVGLSNWSFLYVTVS
	...*..* . * . * . * . . * . . * . . * . . * . . * . . *
SC	TLWLLSGIYIKLRHKPVKNVLRKNNGFNWSFFLKFLPTAVASAGDIGLSNVSFQYVPLT
HP	LYTMTKSSAVLFILIFSLIFKLEEL-RAALVVLVLLIAGGLEMF-----TYKSTQ-FN
	..*..* . . * . * . * . . . . * . . . . * . . . . *
SC	IYTIKSSSIAFVLLFGCIFKLEKFWKLALSVIIMFVGVALMVFKPSDSTSTKNDQALV
HP	VEGFALVLGASFIGGIRWTLTQMLLQKAELGLQNPIDTMFHLQPLMFLGLFPLFAVFEGL
	. * * . . * . * . . * . . * . . * . . * . . * . . *
SC	IFGSFLVLASSCLSGLRWVYTQLMLRNNPIQTNTAAVEES-DGALFTENEDNVDNEPVV

HP HLSTSEKIFRFQDT-GLLLRVLSLFLGGILAFGLGFSEFLVSRSSLTLSIAGIFKEV

.\*. . . . . \*. \*. . . . \* . . . . . \*\*\*. . . . . \* . . . . .

SC NLANNKMLENFGESKPHPIHTIHQ-LAPINGITLLTS-LLVEKPFPGIFS-SSIFRLD

HP CTLLLAHLLGDQISLLNWLGFALCLSGISLHVALKALHSRGDGGPKALKGLGSSPDLEL

SC TSNGGVGTETTIVLSIVRGIVLLILPGFAVFLITICEFSILEQTPVLTIVSIVGIVKELLTV

HP LLRSSQREEGDNEEEYFVAQGGQ

SC IFGIIILSERLSGFYNWLGMLIINADVCIYNYFRYKQDLLQKYHSVSTQDNRNELKGFQD

# 【0090】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA018345）が存在したが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

# 【0091】

<HP10429>（配列番号15、33、51）

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10429のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、156bpの5'非翻訳領域、681bpのORF、206bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは226アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4箇所の膜貫通ドメインが存在した。図16にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量25,321にほぼ一致する25kDaの翻訳産物が生成した。

# 【0092】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、類似性を有する既知蛋白質はなかった。また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（

例えば、アクセション番号AA315933)が存在したが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0093】

<HP10432> (配列番号16、34、52)

ヒト肝臓cDNAライブラリーから得られたクローンHP10432のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、28bpの5' 非翻訳領域、390bpのORF、554bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは129アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端にシグナル様配列を、また内部に1箇所の膜貫通ドメインを有していた。従って、本蛋白質はI型膜蛋白質であると思われる。図17にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。

【0094】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、類似性を有する既知蛋白質はなかった。また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセション番号T74424)が存在したが、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

【0095】

<HP10433> (配列番号17、35、53)

ヒト肝臓cDNAライブラリーから得られたクローンHP10433のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、72bpの5' 非翻訳領域、492bpのORF、131bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは163アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に1箇所の膜貫通ドメインが存在した。図18にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。本蛋白質のN末端137アミノ酸残基をコードしているcDNA部分を含むHindIII-EcoRI (マングビーンヌクレアーゼ処理)断片をpSSD3のHindIII-EcoRV部位に挿入した発現ベクターをCOS7細胞に導入したところ、ウロキナーゼの分泌は認められず、本蛋白質は膜に留まっていることが示された。従って、本

蛋白質はII型膜蛋白質であると思われる。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量18,617にほぼ一致する21kDaの翻訳産物が生成した。

【0096】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、類似性を有する既知蛋白質はなかった。また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号H84693）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

【0097】

<HP10480>（配列番号18,36,54）

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10480のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、79bpの5'非翻訳領域、582bpのORF、1253bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは193アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4箇所の膜貫通ドメインが存在した。図19にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量21,445よりやや大きい23kDaの翻訳産物が生成した。

【0098】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、類似性を有する既知蛋白質はなかった。また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号W93606）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

【0099】

【発明の効果】

本発明は膜貫通ドメインを有するヒト蛋白質、およびそれをコードしているcDNAを提供する。本発明の蛋白質は、いずれも細胞膜に存在するので、細胞の

増殖や分化を制御している蛋白質と考えられる。したがって、本発明の蛋白質は、医薬品として、あるいは該蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のcDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、該DNAを用いることにより、該蛋白質を大量に発現することができる。これら膜蛋白質遺伝子を導入して膜蛋白質を大量発現させた細胞は、対応するリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに応用できる。

【0100】

【配列表】

【0101】

配列番号：1

配列の長さ：382

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01263

配列

Met Gly Leu Leu Leu Pro Leu Ala Leu Cys Ile Leu Val Leu Cys Cys

1 5 10 15

Gly Ala Met Ser Pro Pro Gln Leu Ala Leu Asn Pro Ser Ala Leu Leu

20 25 30

Ser Arg Gly Cys Asn Asp Ser Asp Val Leu Ala Val Ala Gly Phe Ala

35 40 45

Leu Arg Asp Ile Asn Lys Asp Arg Lys Asp Gly Tyr Val Leu Arg Leu

50 55 60

特平 9-144948

Asn Arg Val Asn Asp Ala Gln Glu Tyr Arg Arg Gly Gly Leu Gly Ser			
65	70	75	80
Leu Phe Tyr Leu Thr Leu Asp Val Leu Glu Thr Asp Cys His Val Leu			
	85	90	95
Arg Lys Lys Ala Trp Gln Asp Cys Gly Met Arg Ile Phe Phe Glu Ser			
100	105	110	
Val Tyr Gly Gln Cys Lys Ala Ile Phe Tyr Met Asn Asn Pro Ser Arg			
115	120	125	
Val Leu Tyr Leu Ala Ala Tyr Asn Cys Thr Leu Arg Pro Val Ser Lys			
130	135	140	
Lys Lys Ile Tyr Met Thr Cys Pro Asp Cys Pro Ser Ser Ile Pro Thr			
145	150	155	160
Asp Ser Ser Asn His Gln Val Leu Glu Ala Ala Thr Glu Ser Leu Ala			
	165	170	175
Lys Tyr Asn Asn Glu Asn Thr Ser Lys Gln Tyr Ser Leu Phe Lys Val			
180	185	190	
Thr Arg Ala Ser Ser Gln Trp Val Val Gly Pro Ser Tyr Phe Val Glu			
195	200	205	
Tyr Leu Ile Lys Glu Ser Pro Cys Thr Lys Ser Gln Ala Ser Ser Cys			
210	215	220	
Ser Leu Gln Ser Ser Asp Ser Val Pro Val Gly Leu Cys Lys Gly Ser			
225	230	235	240
Leu Thr Arg Thr His Trp Glu Lys Phe Val Ser Val Thr Cys Asp Phe			
	245	250	255
Phe Glu Ser Gln Ala Pro Ala Thr Gly Ser Glu Asn Ser Ala Val Asn			
260	265	270	
Gln Lys Pro Thr Asn Leu Pro Lys Val Glu Glu Ser Gln Gln Lys Asn			
275	280	285	
Thr Pro Pro Thr Asp Ser Pro Ser Lys Ala Gly Pro Arg Gly Ser Val			

特平 9-144948

290 295 300  
Gln Tyr Leu Pro Asp Leu Asp Asp Lys Asn Ser Gln Glu Lys Gly Pro  
305 310 315 320  
Gln Glu Ala Phe Pro Val His Leu Asp Leu Thr Thr Asn Pro Gln Gly  
325 330 335  
Glu Thr Leu Asp Ile Ser Phe Leu Phe Leu Glu Pro Met Glu Glu Lys  
340 345 350  
Leu Val Val Leu Pro Phe Pro Lys Glu Lys Ala Arg Thr Ala Glu Cys  
355 360 365  
Pro Gly Pro Ala Gln Asn Ala Ser Pro Leu Val Leu Pro Pro  
370 375 380

【0102】

配列番号：2

配列の長さ：317

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01299

配列

Met Trp Leu Tyr Leu Ala Ala Phe Val Gly Leu Tyr Tyr Leu Leu His  
1 5 10 15  
Trp Tyr Arg Glu Arg Gln Val Val Ser His Leu Gln Asp Lys Tyr Val  
20 25 30  
Phe Ile Thr Gly Cys Asp Ser Gly Phe Gly Asn Leu Leu Ala Arg Gln  
35 40 45

特平 9-144948

Leu Asp Ala Arg Gly Leu Arg Val Leu Ala Ala Cys Leu Thr Glu Lys  
 50 55 60  
 Gly Ala Glu Gln Leu Arg Gly Gln Thr Ser Asp Arg Leu Glu Thr Val  
 65 70 75 80  
 Thr Leu Asp Val Thr Lys Met Glu Ser Ile Ala Ala Ala Thr Gln Trp  
 85 90 95  
 Val Lys Glu His Val Gly Asp Arg Gly Leu Trp Gly Leu Val Asn Asn  
 100 105 110  
 Ala Gly Ile Leu Thr Pro Ile Thr Leu Cys Glu Trp Leu Asn Thr Glu  
 115 120 125  
 Asp Ser Met Asn Met Leu Lys Val Asn Leu Ile Gly Val Ile Gln Val  
 130 135 140  
 Thr Leu Ser Met Leu Pro Leu Val Arg Arg Ala Arg Gly Arg Ile Val  
 145 150 155 160  
 Asn Val Ser Ser Ile Leu Gly Arg Val Ala Phe Phe Val Gly Gly Tyr  
 165 170 175  
 Cys Val Ser Lys Tyr Gly Val Glu Ala Phe Ser Asp Ile Leu Arg Arg  
 180 185 190  
 Glu Ile Gln His Phe Gly Val Lys Ile Ser Ile Val Glu Pro Gly Tyr  
 195 200 205  
 Phe Arg Thr Gly Met Thr Asn Met Thr Gln Ser Leu Glu Arg Met Lys  
 210 215 220  
 Gln Ser Trp Lys Glu Ala Pro Lys His Ile Lys Glu Thr Tyr Gly Gln  
 225 230 235 240  
 Gln Tyr Phe Asp Ala Leu Tyr Asn Ile Met Lys Glu Gly Leu Leu Asn  
 245 250 255  
 Cys Ser Thr Asn Leu Asn Leu Val Thr Asp Cys Met Glu His Ala Leu  
 260 265 270  
 Thr Ser Val His Pro Arg Thr Arg Tyr Ser Ala Gly Trp Asp Ala Lys

特平 9-144948

275                      280                      285  
Phe Phe Phe Ile Pro Leu Ser Tyr Leu Pro Thr Ser Leu Ala Asp Tyr  
290                      295                      300  
Ile Leu Thr Arg Ser Trp Pro Lys Pro Ala Gln Ala Val  
305                      310                      315

【0103】

配列番号：3

配列の長さ：296

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01347

配列

Met Ser Asp Ser Lys Glu Pro Arg Val Gln Gln Leu Gly Leu Leu Gly  
1                      5                      10                      15  
Cys Leu Gly His Gly Ala Leu Val Leu Gln Leu Leu Ser Phe Met Leu  
20                      25                      30  
Leu Ala Gly Val Leu Val Ala Ile Leu Val Gln Val Ser Lys Val Pro  
35                      40                      45  
Ser Ser Leu Ser Gln Glu Gln Ser Glu Gln Asp Ala Ile Tyr Gln Asn  
50                      55                      60  
Leu Thr Gln Leu Lys Ala Ala Val Gly Glu Leu Ser Glu Lys Ser Lys  
65                      70                      75                      80  
Leu Gln Glu Ile Tyr Gln Glu Leu Thr Gln Leu Lys Ala Ala Val Gly  
85                      90                      95

特平 9-144948

Glu Leu Pro Glu Lys Ser Lys Leu Gln Glu Ile Tyr Gln Glu Leu Thr

100

105

110

Arg Leu Lys Ala Ala Val Gly Glu Leu Pro Glu Lys Ser Lys Leu Gln

115

120

125

Glu Ile Tyr Gln Glu Leu Thr Arg Leu Lys Ala Ala Val Gly Glu Leu

130

135

140

Pro Glu Lys Ser Lys Leu Gln Glu Ile Tyr Gln Glu Leu Thr Arg Leu

145

150

155

160

Lys Ala Ala Val Gly Glu Leu Pro Glu Lys Ser Lys Leu Gln Glu Ile

165

170

175

Tyr Gln Glu Leu Thr Glu Leu Lys Ala Ala Val Gly Glu Leu Pro Glu

180

185

190

Lys Ser Lys Leu Gln Glu Ile Tyr Gln Glu Leu Thr Gln Leu Lys Ala

195

200

205

Ala Val Gly Glu Leu Pro Asp Gln Ser Lys Gln Gln Gln Ile Tyr Gln

210

215

220

Glu Leu Thr Asp Leu Lys Thr Ala Phe Glu Arg Leu Cys Arg His Cys

225

230

235

240

Pro Lys Asp Trp Thr Phe Phe Gln Gly Asn Cys Tyr Phe Met Ser Asn

245

250

255

Ser Gln Arg Asn Trp His Asp Ser Val Thr Ala Cys Gln Glu Val Arg

260

265

270

Ala Gln Leu Val Val Ile Lys Thr Ala Glu Glu Gln Leu Pro Ala Val

275

280

285

Leu Glu Gln Trp Arg Thr Gln Gln

290

295

【0104】

配列番号：4

配列の長さ：197

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP01440

配列

Met	Cys	Thr	Gly	Lys	Cys	Ala	Arg	Cys	Val	Gly	Leu	Ser	Leu	Ile	Thr
1				5					10					15	
Leu	Cys	Leu	Val	Cys	Ile	Val	Ala	Asn	Ala	Leu	Leu	Leu	Val	Pro	Asn
			20					25					30		
Gly	Glu	Thr	Ser	Trp	Thr	Asn	Thr	Asn	His	Leu	Ser	Leu	Gln	Val	Trp
		35				40					45				
Leu	Met	Gly	Gly	Phe	Ile	Gly	Gly	Gly	Leu	Met	Val	Leu	Cys	Pro	Gly
	50					55					60				
Ile	Ala	Ala	Val	Arg	Ala	Gly	Gly	Lys	Gly	Cys	Cys	Gly	Ala	Gly	Cys
	65			70					75					80	
Cys	Gly	Asn	Arg	Cys	Arg	Met	Leu	Arg	Ser	Val	Phe	Ser	Ser	Ala	Phe
			85					90						95	
Gly	Val	Leu	Gly	Ala	Ile	Tyr	Cys	Leu	Ser	Val	Ser	Gly	Ala	Gly	Leu
		100						105					110		
Arg	Asn	Gly	Pro	Arg	Cys	Leu	Met	Asn	Gly	Glu	Trp	Gly	Tyr	His	Phe
		115				120							125		
Glu	Asp	Thr	Ala	Gly	Ala	Tyr	Leu	Leu	Asn	Arg	Thr	Leu	Trp	Asp	Arg
	130					135						140			
Cys	Glu	Ala	Pro	Pro	Arg	Val	Val	Pro	Trp	Asn	Val	Thr	Leu	Phe	Ser
145					150					155					160

特平 9-144948

Leu Leu Val Ala Ala Ser Cys Leu Glu Ile Val Leu Cys Gly Ile Gln

165

170

175

Leu Val Asn Ala Thr Ile Gly Val Phe Cys Gly Asp Cys Arg Lys Lys

180

185

190

Gln Asp Thr Pro His

195

【0105】

配列番号：5

配列の長さ：221

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP01526

配列

Met Glu Ala Gly Gly Phe Leu Asp Ser Leu Ile Tyr Gly Ala Cys Val

1

5

10

15

Val Phe Thr Leu Gly Met Phe Ser Ala Gly Leu Ser Asp Leu Arg His

20

25

30

Met Arg Met Thr Arg Ser Val Asp Asn Val Gln Phe Leu Pro Phe Leu

35

40

45

Thr Thr Glu Val Asn Asn Leu Gly Trp Leu Ser Tyr Gly Ala Leu Lys

50

55

60

Gly Asp Gly Ile Leu Ile Val Val Asn Thr Val Gly Ala Ala Leu Gln

65

70

75

80

Thr Leu Tyr Ile Leu Ala Tyr Leu His Tyr Cys Pro Arg Lys Arg Val

特平 9-144948

85	90	95	
Val Leu Leu Gln Thr Ala Thr Leu Leu Gly Val Leu Leu Leu Gly Tyr			
100	105	110	
Gly Tyr Phe Trp Leu Leu Val Pro Asn Pro Glu Ala Arg Leu Gln Gln			
115	120	125	
Leu Gly Leu Phe Cys Ser Val Phe Thr Ile Ser Met Tyr Leu Ser Pro			
130	135	140	
Leu Ala Asp Leu Ala Lys Val Ile Gln Thr Lys Ser Thr Gln Cys Leu			
145	150	155	160
Ser Tyr Pro Leu Thr Ile Ala Thr Leu Leu Thr Ser Ala Ser Trp Cys			
165	170	175	
Leu Tyr Gly Phe Arg Leu Arg Asp Pro Tyr Ile Met Val Ser Asn Phe			
180	185	190	
Pro Gly Ile Val Thr Ser Phe Ile Arg Phe Trp Leu Phe Trp Lys Tyr			
195	200	205	
Pro Gln Glu Gln Asp Arg Asn Tyr Trp Leu Leu Gln Thr			
210	215	220	

【0106】

配列番号：6

配列の長さ：251

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10230

配列

特平 9-144948

Met	Ser	Asp	Ile	Gly	Asp	Trp	Phe	Arg	Ser	Ile	Pro	Ala	Ile	Thr	Arg
1				5							10				15
Tyr	Trp	Phe	Ala	Ala	Thr	Val	Ala	Val	Pro	Leu	Val	Gly	Lys	Leu	Gly
				20							25				30
Leu	Ile	Ser	Pro	Ala	Tyr	Leu	Phe	Leu	Trp	Pro	Glu	Ala	Phe	Leu	Tyr
				35							40				45
Arg	Phe	Gln	Ile	Trp	Arg	Pro	Ile	Thr	Ala	Thr	Phe	Tyr	Phe	Pro	Val
				50							55				60
Gly	Pro	Gly	Thr	Gly	Phe	Leu	Tyr	Leu	Val	Asn	Leu	Tyr	Phe	Leu	Tyr
				65							70				75
Gln	Tyr	Ser	Thr	Arg	Leu	Glu	Thr	Gly	Ala	Phe	Asp	Gly	Arg	Pro	Ala
											85				90
Asp	Tyr	Leu	Phe	Met	Leu	Leu	Phe	Asn	Trp	Ile	Cys	Ile	Val	Ile	Thr
											100				105
Gly	Leu	Ala	Met	Asp	Met	Gln	Leu	Leu	Met	Ile	Pro	Leu	Ile	Met	Ser
											115				120
Val	Leu	Tyr	Val	Trp	Ala	Gln	Leu	Asn	Arg	Asp	Met	Ile	Val	Ser	Phe
											130				135
Trp	Phe	Gly	Thr	Arg	Phe	Lys	Ala	Cys	Tyr	Leu	Pro	Trp	Val	Ile	Leu
											145				150
Gly	Phe	Asn	Tyr	Ile	Ile	Gly	Gly	Ser	Val	Ile	Asn	Glu	Leu	Ile	Gly
											165				170
Asn	Leu	Val	Gly	His	Leu	Tyr	Phe	Phe	Leu	Met	Phe	Arg	Tyr	Pro	Met
											180				185
Asp	Leu	Gly	Gly	Arg	Asn	Phe	Leu	Ser	Thr	Pro	Gln	Phe	Leu	Tyr	Arg
											195				200
Trp	Leu	Pro	Ser	Arg	Arg	Gly	Gly	Val	Ser	Gly	Phe	Gly	Val	Pro	Pro
											210				215
Ala	Ser	Met	Arg	Arg	Ala	Ala	Asp	Gln	Asn	Gly	Gly	Gly	Gly	Arg	His
											220				

特平 9-144948

225                      230                      235                      240  
Asn Trp Gly Gln Gly Phe Arg Leu Gly Asp Gln

245                      250

【0107】

配列番号：7

配列の長さ：106

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10389

配列

Met Ala Thr Pro Gly Pro Val Ile Pro Glu Val Pro Phe Glu Pro Ser  
1                      5                      10                      15  
Lys Pro Pro Val Ile Glu Gly Leu Ser Pro Thr Val Tyr Arg Asn Pro  
20                      25                      30  
Glu Ser Phe Lys Glu Lys Phe Val Arg Lys Thr Arg Glu Asn Pro Val  
35                      40                      45  
Val Pro Ile Gly Cys Leu Ala Thr Ala Ala Ala Leu Thr Tyr Gly Leu  
50                      55                      60  
Tyr Ser Phe His Arg Gly Asn Ser Gln Arg Ser Gln Leu Met Met Arg  
65                      70                      75                      80  
Thr Arg Ile Ala Ala Gln Gly Phe Thr Val Ala Ala Ile Leu Leu Gly  
85                      90                      95  
Leu Ala Val Thr Ala Met Lys Ser Arg Pro

特平 9-144948

100

105

【0108】

配列番号：8

配列の長さ：78

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10408

配列

Met Gly Ser Gly Leu Pro Leu Val Leu Leu Leu Thr Leu Leu Gly Ser

1

5

10

15

Ser His Gly Thr Gly Pro Gly Met Thr Leu Gln Leu Lys Leu Lys Glu

20

25

30

Ser Phe Leu Thr Asn Ser Ser Tyr Glu Ser Ser Phe Leu Glu Leu Leu

35

40

45

Glu Lys Leu Cys Leu Leu Leu His Leu Pro Ser Gly Thr Ser Val Thr

50

55

60

Leu His His Ala Arg Ser Gln His His Val Val Cys Asn Thr

65

70

75

【0109】

配列番号：9

配列の長さ：314

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10412

配列

Met	Val	Ala	Pro	Val	Trp	Tyr	Leu	Val	Ala	Ala	Ala	Leu	Leu	Val	Gly
1				5								10			15
Phe	Ile	Leu	Phe	Leu	Thr	Arg	Ser	Arg	Gly	Arg	Ala	Ala	Ser	Ala	Gly
				20								25			30
Gln	Glu	Pro	Leu	His	Asn	Glu	Glu	Leu	Ala	Gly	Ala	Gly	Arg	Val	Ala
				35								40			45
Gln	Pro	Gly	Pro	Leu	Glu	Pro	Glu	Glu	Pro	Arg	Ala	Gly	Gly	Arg	Pro
				50											60
Arg	Arg	Arg	Arg	Asp	Leu	Gly	Ser	Arg	Leu	Gln	Ala	Gln	Arg	Arg	Ala
65					70							75			80
Gln	Arg	Val	Ala	Trp	Ala	Glu	Ala	Asp	Glu	Asn	Glu	Glu	Glu	Ala	Val
					85							90			95
Ile	Leu	Ala	Gln	Glu	Glu	Glu	Gly	Val	Glu	Lys	Pro	Ala	Glu	Thr	His
				100								105			110
Leu	Ser	Gly	Lys	Ile	Gly	Ala	Lys	Lys	Leu	Arg	Lys	Leu	Glu	Glu	Lys
				115								120			125
Gln	Ala	Arg	Lys	Ala	Gln	Arg	Glu	Ala	Glu	Glu	Ala	Glu	Arg	Glu	Glu
				130								135			140
Arg	Lys	Arg	Leu	Glu	Ser	Gln	Arg	Glu	Ala	Glu	Trp	Lys	Lys	Glu	Glu
145					150							155			160
Glu	Arg	Leu	Arg	Leu	Glu	Glu	Glu	Gln	Lys	Glu	Glu	Glu	Glu	Arg	Lys
					165							170			175
Ala	Arg	Glu	Glu	Gln	Ala	Gln	Arg	Glu	His	Glu	Glu	Tyr	Leu	Lys	Leu

特平 9-144948

180	185	190	
Lys Glu Ala Phe Val Val Glu Glu Glu Gly Val Gly Glu Thr Met Thr			
195	200	205	
Glu Glu Gln Ser Gln Ser Phe Leu Thr Glu Phe Ile Asn Tyr Ile Lys			
210	215	220	
Gln Ser Lys Val Val Leu Leu Glu Asp Leu Ala Ser Gln Val Gly Leu			
225	230	235	240
Arg Thr Gln Asp Thr Ile Asn Arg Ile Gln Asp Leu Leu Ala Glu Gly			
245	250	255	
Thr Ile Thr Gly Val Ile Asp Asp Arg Gly Lys Phe Ile Tyr Ile Thr			
260	265	270	
Pro Glu Glu Leu Ala Ala Val Ala Asn Phe Ile Arg Gln Arg Gly Arg			
275	280	285	
Val Ser Ile Ala Glu Leu Ala Gln Ala Ser Asn Ser Leu Ile Ala Trp			
290	295	300	
Gly Arg Glu Ser Pro Ala Gln Ala Pro Ala			
305	310		

【0110】

配列番号：10

配列の長さ：195

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10413

配列

特平 9-144948

Met Ala Ala Glu Asp Val Val Ala Thr Gly Ala Asp Pro Ser Asp Leu  
1 5 10 15  
Glu Ser Gly Gly Leu Leu His Glu Ile Phe Thr Ser Pro Leu Asn Leu  
20 25 30  
Leu Leu Leu Gly Leu Cys Ile Phe Leu Leu Tyr Lys Ile Val Arg Gly  
35 40 45  
Asp Gln Pro Ala Ala Ser Gly Asp Ser Asp Asp Asp Glu Pro Pro Pro  
50 55 60  
Leu Pro Arg Leu Lys Arg Arg Asp Phe Thr Pro Ala Glu Leu Arg Arg  
65 70 75 80  
Phe Asp Gly Val Gln Asp Pro Arg Ile Leu Met Ala Ile Asn Gly Lys  
85 90 95  
Val Phe Asp Val Thr Lys Gly Arg Lys Phe Tyr Gly Pro Glu Gly Pro  
100 105 110  
Tyr Gly Val Phe Ala Gly Arg Asp Ala Ser Arg Gly Leu Ala Thr Phe  
115 120 125  
Cys Leu Asp Lys Glu Ala Leu Lys Asp Glu Tyr Asp Asp Leu Ser Asp  
130 135 140  
Leu Thr Ala Ala Gln Gln Glu Thr Leu Ser Asp Trp Glu Ser Gln Phe  
145 150 155 160  
Thr Phe Lys Tyr His His Val Gly Lys Leu Leu Lys Glu Gly Glu Glu  
165 170 175  
Pro Thr Val Tyr Ser Asp Glu Glu Glu Pro Lys Asp Glu Ser Ala Arg  
180 185 190  
Lys Asn Asp  
195

【0111】

配列番号：11

配列の長さ：462

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10415

配列

Met	Leu	Asp	Phe	Ala	Ile	Phe	Ala	Val	Thr	Phe	Leu	Leu	Ala	Leu	Val
1				5					10					15	
Gly	Ala	Val	Leu	Tyr	Leu	Tyr	Pro	Ala	Ser	Arg	Gln	Ala	Ala	Gly	Ile
			20					25					30		
Pro	Gly	Ile	Thr	Pro	Thr	Glu	Glu	Lys	Asp	Gly	Asn	Leu	Pro	Asp	Ile
		35				40					45				
Val	Asn	Ser	Gly	Ser	Leu	His	Glu	Phe	Leu	Val	Asn	Leu	His	Glu	Arg
	50				55						60				
Tyr	Gly	Pro	Val	Val	Ser	Phe	Trp	Phe	Gly	Arg	Arg	Leu	Val	Val	Ser
65				70					75					80	
Leu	Gly	Thr	Val	Asp	Val	Leu	Lys	Gln	His	Ile	Asn	Pro	Asn	Lys	Thr
		85						90					95		
Leu	Asp	Pro	Phe	Glu	Thr	Met	Leu	Lys	Ser	Leu	Leu	Arg	Tyr	Gln	Ser
		100						105					110		
Gly	Gly	Gly	Ser	Val	Ser	Glu	Asn	His	Met	Arg	Lys	Lys	Leu	Tyr	Glu
	115						120					125			
Asn	Gly	Val	Thr	Asp	Ser	Leu	Lys	Ser	Asn	Phe	Ala	Leu	Leu	Leu	Lys
	130					135						140			
Leu	Ser	Glu	Glu	Leu	Leu	Asp	Lys	Trp	Leu	Ser	Tyr	Pro	Glu	Thr	Gln
145				150					155					160	

特平 9-144948

His Val Pro Leu Ser Gln His Met Leu Gly Phe Ala Met Lys Ser Val  
165 170 175  
Thr Gln Met Val Met Gly Ser Thr Phe Glu Asp Asp Gln Glu Val Ile  
180 185 190  
Arg Phe Gln Lys Asn His Gly Thr Val Trp Ser Glu Ile Gly Lys Gly  
195 200 205  
Phe Leu Asp Gly Ser Leu Asp Lys Asn Met Thr Arg Lys Lys Gln Tyr  
210 215 220  
Glu Asp Ala Leu Met Gln Leu Glu Ser Val Leu Arg Asn Ile Ile Lys  
225 230 235 240  
Glu Arg Lys Gly Arg Asn Phe Ser Gln His Ile Phe Ile Asp Ser Leu  
245 250 255  
Val Gln Gly Asn Leu Asn Asp Gln Gln Ile Leu Glu Asp Ser Met Ile  
260 265 270  
Phe Ser Leu Ala Ser Cys Ile Ile Thr Ala Lys Leu Cys Thr Trp Ala  
275 280 285  
Ile Cys Phe Leu Thr Thr Ser Glu Glu Val Gln Lys Lys Leu Tyr Glu  
290 295 300  
Glu Ile Asn Gln Val Phe Gly Asn Gly Pro Val Thr Pro Glu Lys Ile  
305 310 315 320  
Glu Gln Leu Arg Tyr Cys Gln His Val Leu Cys Glu Thr Val Arg Thr  
325 330 335  
Ala Lys Leu Thr Pro Val Ser Ala Gln Leu Gln Asp Ile Glu Gly Lys  
340 345 350  
Ile Asp Arg Phe Ile Ile Pro Arg Glu Thr Leu Val Leu Tyr Ala Leu  
355 360 365  
Gly Val Val Leu Gln Asp Pro Asn Thr Trp Pro Ser Pro His Lys Phe  
370 375 380  
Asp Pro Asp Arg Phe Asp Asp Glu Leu Val Met Lys Thr Phe Ser Ser

特平 9-144948

385                      390                      395                      400  
 Leu Gly Phe Ser Gly Thr Gln Glu Cys Pro Glu Leu Arg Phe Ala Tyr  
                          405                      410                      415  
 Met Val Thr Thr Val Leu Leu Ser Val Leu Val Lys Arg Leu His Leu  
                          420                      425                      430  
 Leu Ser Val Glu Gly Gln Val Ile Glu Thr Lys Tyr Glu Leu Val Thr  
                          435                      440                      445  
 Ser Ser Arg Glu Glu Ala Trp Ile Thr Val Ser Lys Arg Tyr  
                          450                      455                      460

【0112】

配列番号：12

配列の長さ：247

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10419

配列

Met Gly Ala Ala Val Phe Phe Gly Cys Thr Phe Val Ala Phe Gly Pro  
   1                      5                      10                      15  
 Ala Phe Ala Leu Phe Leu Ile Thr Val Ala Gly Asp Pro Leu Arg Val  
                          20                      25                      30  
 Ile Ile Leu Val Ala Gly Ala Phe Phe Trp Leu Val Ser Leu Leu Leu  
                          35                      40                      45  
 Ala Ser Val Val Trp Phe Ile Leu Val His Val Thr Asp Arg Ser Asp  
                          50                      55                      60

特平 9-144948

Ala Arg Leu Gln Tyr Gly Leu Leu Ile Phe Gly Ala Ala Val Ser Val			
65	70	75	80
Leu Leu Gln Glu Val Phe Arg Phe Ala Tyr Tyr Lys Leu Leu Lys Lys			
	85	90	95
Ala Asp Glu Gly Leu Ala Ser Leu Ser Glu Asp Gly Arg Ser Pro Ile			
100	105	110	
Ser Ile Arg Gln Met Ala Tyr Val Ser Gly Leu Ser Phe Gly Ile Ile			
115	120	125	
Ser Gly Val Phe Ser Val Ile Asn Ile Leu Ala Asp Ala Leu Gly Pro			
130	135	140	
Gly Val Val Gly Ile His Gly Asp Ser Pro Tyr Tyr Phe Leu Thr Ser			
145	150	155	160
Ala Phe Leu Thr Ala Ala Ile Ile Leu Leu His Thr Phe Trp Gly Val			
	165	170	175
Val Phe Phe Asp Ala Cys Glu Arg Arg Arg Tyr Trp Ala Leu Gly Leu			
180	185	190	
Val Val Gly Ser His Leu Leu Thr Ser Gly Leu Thr Phe Leu Asn Pro			
195	200	205	
Trp Tyr Glu Ala Ser Leu Leu Pro Ile Tyr Ala Val Thr Val Ser Met			
210	215	220	
Gly Leu Trp Ala Phe Ile Thr Ala Gly Gly Ser Leu Arg Ser Ile Gln			
225	230	235	240
Arg Ser Leu Leu Cys Lys Asp			
	245		

【0113】

配列番号：13

配列の長さ：113

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

特平 9-144948

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10424

配列

Met Asn Phe Tyr Leu Leu Leu Ala Ser Ser Ile Leu Cys Ala Leu Ile

1 5 10 15

Val Phe Trp Lys Tyr Arg Arg Phe Gln Arg Asn Thr Gly Glu Met Ser

20 25 30

Ser Asn Ser Thr Ala Leu Ala Leu Val Arg Pro Ser Ser Ser Gly Leu

35 40 45

Ile Asn Ser Asn Thr Asp Asn Asn Leu Ala Val Tyr Asp Leu Ser Arg

50 55 60

Asp Ile Leu Asn Asn Phe Pro His Ser Ile Ala Arg Gln Lys Arg Ile

65 70 75 80

Leu Val Asn Leu Ser Met Val Glu Asn Lys Leu Val Glu Leu Glu His

85 90 95

Thr Leu Leu Ser Lys Gly Phe Arg Gly Ala Ser Pro His Arg Lys Ser

100 105 110

Thr

【0114】

配列番号：14

配列の長さ：365

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10428

配列

Met Gly Arg Trp Ala Leu Asp Val Ala Phe Leu Trp Lys Ala Val Leu

1 5 10 15

Thr Leu Gly Leu Val Leu Leu Tyr Tyr Cys Phe Ser Ile Gly Ile Thr

20 25 30

Phe Tyr Asn Lys Trp Leu Thr Lys Ser Phe His Phe Pro Leu Phe Met

35 40 45

Thr Met Leu His Leu Ala Val Ile Phe Leu Phe Ser Ala Leu Ser Arg

50 55 60

Ala Leu Val Gln Cys Ser Ser His Arg Ala Arg Val Val Leu Ser Trp

65 70 75 80

Ala Asp Tyr Leu Arg Arg Val Ala Pro Thr Ala Leu Ala Thr Ala Leu

85 90 95

Asp Val Gly Leu Ser Asn Trp Ser Phe Leu Tyr Val Thr Val Ser Leu

100 105 110

Tyr Thr Met Thr Lys Ser Ser Ala Val Leu Phe Ile Leu Ile Phe Ser

115 120 125

Leu Ile Phe Lys Leu Glu Glu Leu Arg Ala Ala Leu Val Leu Val Val

130 135 140

Leu Leu Ile Ala Gly Gly Leu Phe Met Phe Thr Tyr Lys Ser Thr Gln

145 150 155 160

Phe Asn Val Glu Gly Phe Ala Leu Val Leu Gly Ala Ser Phe Ile Gly

165 170 175

特平 9-144948

Gly Ile Arg Trp Thr Leu Thr Gln Met Leu Leu Gln Lys Ala Glu Leu			
180	185	190	
Gly Leu Gln Asn Pro Ile Asp Thr Met Phe His Leu Gln Pro Leu Met			
195	200	205	
Phe Leu Gly Leu Phe Pro Leu Phe Ala Val Phe Glu Gly Leu His Leu			
210	215	220	
Ser Thr Ser Glu Lys Ile Phe Arg Phe Gln Asp Thr Gly Leu Leu Leu			
225	230	235	240
Arg Val Leu Gly Ser Leu Phe Leu Gly Gly Ile Leu Ala Phe Gly Leu			
245	250	255	
Gly Phe Ser Glu Phe Leu Leu Val Ser Arg Thr Ser Ser Leu Thr Leu			
260	265	270	
Ser Ile Ala Gly Ile Phe Lys Glu Val Cys Thr Leu Leu Leu Ala Ala			
275	280	285	
His Leu Leu Gly Asp Gln Ile Ser Leu Leu Asn Trp Leu Gly Phe Ala			
290	295	300	
Leu Cys Leu Ser Gly Ile Ser Leu His Val Ala Leu Lys Ala Leu His			
305	310	315	320
Ser Arg Gly Asp Gly Gly Pro Lys Ala Leu Lys Gly Leu Gly Ser Ser			
325	330	335	
Pro Asp Leu Glu Leu Leu Leu Arg Ser Ser Gln Arg Glu Glu Gly Asp			
340	345	350	
Asn Glu Glu Glu Glu Tyr Phe Val Ala Gln Gly Gln Gln			
355	360	365	

【0115】

配列番号：15

配列の長さ：226

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

特平 9-144948

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10429

配列

Met	Pro	Thr	Thr	Lys	Lys	Thr	Leu	Met	Phe	Leu	Ser	Ser	Phe	Phe	Thr
1				5				10						15	
Ser	Leu	Gly	Ser	Phe	Ile	Val	Ile	Cys	Ser	Ile	Leu	Gly	Thr	Gln	Ala
				20				25						30	
Trp	Ile	Thr	Ser	Thr	Ile	Ala	Val	Arg	Asp	Ser	Ala	Ser	Asn	Gly	Ser
				35				40						45	
Ile	Phe	Ile	Thr	Tyr	Gly	Leu	Phe	Arg	Gly	Glu	Ser	Ser	Glu	Glu	Leu
				50				55						60	
Ser	His	Gly	Leu	Ala	Glu	Pro	Lys	Lys	Lys	Phe	Ala	Val	Leu	Glu	Ile
65				70				75						80	
Leu	Asn	Asn	Ser	Ser	Gln	Lys	Thr	Leu	His	Ser	Val	Thr	Ile	Leu	Phe
				85				90						95	
Leu	Val	Leu	Ser	Leu	Ile	Thr	Ser	Leu	Leu	Ser	Ser	Gly	Phe	Thr	Phe
				100				105						110	
Tyr	Asn	Ser	Ile	Ser	Asn	Pro	Tyr	Gln	Thr	Phe	Leu	Gly	Pro	Thr	Gly
				115				120						125	
Val	Tyr	Thr	Trp	Asn	Gly	Leu	Gly	Ala	Ser	Phe	Val	Phe	Val	Thr	Met
				130				135						140	
Ile	Leu	Phe	Val	Ala	Asn	Thr	Gln	Ser	Asn	Gln	Leu	Ser	Glu	Glu	Leu
145				150				155						160	
Phe	Gln	Met	Leu	Tyr	Pro	Ala	Thr	Thr	Ser	Lys	Gly	Thr	Thr	His	Ser
				165				170						175	

特平 9-144948

Tyr Gly Tyr Ser Phe Trp Leu Ile Leu Leu Val Ile Leu Leu Asn Ile

180

185

190

Val Thr Val Thr Ile Ile Ile Phe Tyr Gln Lys Ala Arg Tyr Gln Arg

195

200

205

Lys Gln Glu Gln Arg Lys Pro Met Glu Tyr Ala Pro Arg Asp Gly Ile

210

215

220

Leu Phe

225

【0116】

配列番号：16

配列の長さ：129

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP10432

配列

Met Ala Arg Gly Ser Leu Arg Arg Leu Leu Arg Leu Leu Val Leu Gly

1

5

10

15

Leu Trp Leu Ala Leu Leu Arg Ser Val Ala Gly Glu Gln Ala Pro Gly

20

25

30

Thr Ala Pro Cys Ser Arg Gly Ser Ser Trp Ser Ala Asp Leu Asp Lys

35

40

45

Cys Met Asp Cys Ala Ser Cys Arg Ala Arg Pro His Ser Asp Phe Cys

50

55

60

Leu Gly Cys Ala Ala Ala Pro Pro Ala Pro Phe Arg Leu Leu Trp Pro

特平 9-144948

65                      70                      75                      80  
Ile Leu Gly Gly Ala Leu Ser Leu Thr Phe Val Leu Gly Leu Leu Ser  
                         85                      90                      95  
Gly Phe Leu Val Trp Arg Arg Cys Arg Arg Arg Glu Lys Phe Thr Thr  
                         100                      105                      110  
Pro Ile Glu Glu Thr Gly Gly Glu Gly Cys Pro Ala Val Ala Leu Ile  
                         115                      120                      125  
Gln

【0117】

配列番号：17

配列の長さ：163

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP10433

配列

Met Arg Arg Leu Leu Ile Pro Leu Ala Leu Trp Leu Gly Ala Val Gly  
1                      5                      10                      15  
Val Gly Val Ala Glu Leu Thr Glu Ala Gln Arg Arg Gly Leu Gln Val  
                         20                      25                      30  
Ala Leu Glu Glu Phe His Lys His Pro Pro Val Gln Trp Ala Phe Gln  
                         35                      40                      45  
Glu Thr Ser Val Glu Ser Ala Val Asp Thr Pro Phe Pro Ala Gly Ile  
50                      55                      60

特平 9-144948

Phe Val Arg Leu Glu Phe Lys Leu Gln Gln Thr Ser Cys Arg Lys Arg  
65 70 75 80  
Asp Trp Lys Lys Pro Glu Cys Lys Val Arg Pro Asn Gly Arg Lys Arg  
85 90 95  
Lys Cys Leu Ala Cys Ile Lys Leu Gly Ser Glu Asp Lys Val Leu Gly  
100 105 110  
Arg Leu Val His Cys Pro Ile Glu Thr Gln Val Leu Arg Glu Ala Glu  
115 120 125  
Glu His Gln Glu Thr Gln Cys Leu Arg Val Gln Arg Ala Gly Glu Asp  
130 135 140  
Pro His Ser Phe Tyr Phe Pro Gly Gln Phe Ala Phe Ser Lys Ala Leu  
145 150 155 160  
Pro Arg Ser

【0118】

配列番号：18

配列の長さ：193

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10480

配列

Met Ile Arg Cys Gly Leu Ala Cys Glu Arg Cys Arg Trp Ile Leu Pro  
1 5 10 15  
Leu Leu Leu Leu Ser Ala Ile Ala Phe Asp Ile Ile Ala Leu Ala Gly

特平 9-144948

20	25	30	
Arg Gly Trp Leu Gln Ser Ser Asp His Gly Gln Thr Ser Ser Leu Trp			
35	40	45	
Trp Lys Cys Ser Gln Glu Gly Gly Gly Ser Gly Ser Tyr Glu Glu Gly			
50	55	60	
Cys Gln Ser Leu Met Glu Tyr Ala Trp Gly Arg Ala Ala Ala Ala Met			
65	70	75	80
Leu Phe Cys Gly Phe Ile Ile Leu Val Ile Cys Phe Ile Leu Ser Phe			
85	90	95	
Phe Ala Leu Cys Gly Pro Gln Met Leu Val Phe Leu Arg Val Ile Gly			
100	105	110	
Gly Leu Leu Ala Leu Ala Ala Val Phe Gln Ile Ile Ser Leu Val Ile			
115	120	125	
Tyr Pro Val Lys Tyr Thr Gln Thr Phe Thr Leu His Ala Asn Arg Ala			
130	135	140	
Val Thr Tyr Ile Tyr Asn Trp Ala Tyr Gly Phe Gly Trp Ala Ala Thr			
145	150	155	160
Ile Ile Leu Ile Gly Cys Ala Phe Phe Phe Cys Cys Leu Pro Asn Tyr			
165	170	175	
Glu Asp Asp Leu Leu Gly Asn Ala Lys Pro Arg Tyr Phe Tyr Thr Ser			
180	185	190	
Ala			

【0119】

配列番号：19

配列の長さ：1146

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01263

配列

ATGGGTCTGC TCCTTCCCCT GGCACCTCTGC ATCCTAGTCC TGTGCTGCGG AGCAATGTCT	60
CCACCCCAGC TGGCCCTCAA CCCCTCGGCT CTGCTCTCCC GGGGCTGCAA TGA CTCCGAT	120
GTGCTGGCAG TTGCAGGCTT TGCCTGCGG GATATTAACA AAGACAGAAA GGATGGCTAT	180
GTGCTGAGAC TCAACCGAGT GAACGACGCC CAGGAATACA GACGGGGTGG CCTGGGATCT	240
CTGTTCATC TTACACTGGA TGTGCTAGAG ACTGACTGCC ATGTGCTCAG AAAGAAGGCA	300
TGGCAAGACT GTGGAATGAG GATATTTTTT GAATCAGTTT ATGGTCAATG CAAAGCAATA	360
TTTATATGA ACAACCCAAG TAGAGTTCTC TATTTAGCTG CTTATAACTG TACTCTTCGC	420
CCAGTTTCAA AAAAAAAGAT TTACATGACG TGCCCTGACT GCCCAAGCTC CATACCCACT	480
GACTCTTCCA ATCACCAAGT GCTGGAGGCT GCCACCGAGT CTCTTGCGAA ATACAACAAT	540
GAGAACACAT CCAAGCAGTA TTCTCTCTTC AAAGTCACCA GGGCTTCTAG CCAGTGGGTG	600
GTGGGCCCTT CTTACTTTGT GGAATACTTA ATTAAGAAT CACCATGTAC TAAATCCCAG	660
GCCAGCAGCT GTTCACTTCA GTCCTCCGAC TCTGTGCC TG TGGTCTTTG CAAAGGTTCT	720
CTGACTCGAA CACACTGGGA AAAGTTTGTC TCTGTGACTT GTGACTTCTT TGAATCACAG	780
GCTCCAGCCA CTGGAAGTGA AAACCTGCT GTTAACCAGA AACCTACAAA CCTTCCAAG	840
GTGGAAGAAT CCCAGCAGAA AAACACCCCC CCAACAGACT CCCCCTCAA AGCTGGGCCA	900
AGAGGATCTG TCCAATATCT TCCTGACTTG GATGATAAAA ATTCCCAGGA AAAGGGCCCT	960
CAGGAGGCCT TTCCTGTGCA TCTGGACCTA ACCACGAATC CCCAGGGAGA AACCTGGAT	1020
ATTCCTTCC TCTCCTGGA GCCTATGGAG GAGAAGCTGG TTGTCCTGCC TTTCCCCAAA	1080
GAAAAAGCAC GCACTGCTGA GTGCCAGGG CCAGCCCAGA ATGCCAGCCC TCTTGTCTT	1140
CCGCCA	1146

【0120】

配列番号：20

配列の長さ：951

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01299

配列

ATGTGGCTCT ACCTGGCGGC CTTCGTGGGC CTGTACTACC TTCTGCACTG GTACCGGGAG	60
AGGCAGGTGG TGAGCCACCT CCAAGACAAG TATGTCTTTA TCACGGGCTG TGA CTGGGC	120
TTTGGGAACC TGCTGGCCAG ACAGCTGGAT GCACGAGGCT TGAGAGTGCT GGCTGCGTGT	180
CTGACGGAGA AGGGGGCCGA GCAGCTGAGG GGCCAGACGT CTGACAGGCT GGAGACGGTG	240
ACCTGGATG TTACCAAGAT GGAGAGCATC GCTGCAGCTA CTCAGTGGGT GAAGGAGCAT	300
GTGGGGGACA GAGGACTCTG GGGACTGGTG AACAATGCAG GCATTCTTAC ACCAATTACC	360
TTATGTGAGT GGCTGAACAC TGAGGACTCT ATGAATATGC TCAAAGTGAA CCTCATTGGT	420
GTGATCCAGG TGACCTTGAG CATGCTTCCT TTGGTGAGGA GAGCACGGGG AAGAATTGTC	480
AATGTCTCCA GCATTCTGGG AAGAGTTGCT TTCTTTGTAG GAGGCTACTG TGTCTCCAAG	540
TATGGAGTGG AAGCCTTTTC AGATATTCTG AGGCGTGAGA TTCAACATTT TGGGGTGAAA	600
ATCAGCATAG TTGAACCTGG CTACTTCAGA ACGGGAATGA CAAACATGAC ACAGTCCTTA	660
GAGCGAATGA AGCAAAGTTG GAAAGAAGCC CCCAAGCATA TTAAGGAGAC CTATGGACAG	720
CAGTATTTTG ATGCCCTTTA CAATATCATG AAGGAAGGGC TGTGAATTG TAGCACAAAC	780
CTGAACCTGG TCACTGACTG CATGGAACAT GCTCTGACAT CGGTGCATCC GCGAACTCGA	840
TATTCAGCTG GCTGGGATGC TAAATTTTTC TTCATCCCTC TATCTTATTT ACCTACATCA	900
CTGGCAGACT ACATTTTGAC TAGATCTTGG CCCAAACCAG CCCAGGCAGT C	951

【0121】

配列番号：21

配列の長さ：888

配列の型：核酸

鎖の数： 二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01347

配列

ATGAGTGACT CCAAGGAACC AAGGGTGCAG CAGCTGGGCC TCCTGGGGTG TCTTGGCCAT	60
GGCGCCCTGG TGCTGCAACT CCTCTCCTTC ATGCTCTTGG CTGGGGTCCT GGTGGCCATC	120
CTTGTCOAAG TGTCOAAGGT CCCCAGCTCC CTAAGTCAGG AACAATCCGA GCAAGACGCA	180
ATCTACCAGA ACCTGACCCA GCTTAAAGCT GCAGTGGGTG AGCTCTCAGA GAAATCCAAG	240
CTGCAGGAGA TCTACCAGGA GCTGACCCAG CTGAAGGCTG CAGTGGGTGA GTTGCCAGAG	300
AAATCCAAGC TGCAGGAGAT CTACCAGGAG CTGACCCGGC TGAAGGCTGC AGTGGGTGAG	360
TTGCCAGAGA AATCCAAGCT GCAGGAGATC TACCAGGAGC TGACCCGGCT GAAGGCTGCA	420
GTGGGTGAGT TGCCAGAGAA ATCCAAGCTG CAGGAGATCT ACCAGGAGCT GACCCGGCTG	480
AAGGCTGCAG TGGGTGAGTT GCCAGAGAAA TCCAAGCTGC AGGAGATCTA CCAGGAGCTG	540
ACGAGCTGA AGGCTGCAGT GGGTGAGTTG CCAGAGAAAT CCAAGCTGCA GGAGATCTAC	600
CAGGAGCTGA CCCAGCTGAA GGCTGCAGTG GGTGAGTTGC CAGACCAGTC CAAGCAGCAG	660
CAAACTCTATC AAGAACTGAC CGATTTGAAG ACTGCATTTG AACGCCTGTG CCGCCACTGT	720
CCCAAGGACT GGACATTCTT CCAAGGAAAC TGTTACTTCA TGTCTAACTC CCAGCGGAAC	780
TGGCAGGACT CCGTCACCGC CTGCCAGGAA GTGAGGGCCC AGCTCGTCGT AATCAAAACT	840
GCTGAGGAGC AGCTTCCAGC GGTACTGGAA CAGTGGAGAA CCCAACAA	888

【0122】

配列番号：22

配列の長さ：591

配列の型：核酸

鎖の数： 二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類: cDNA to mRNA

起源:

生物名: ホモ=サピエンス

細胞の種類: 胃癌

クローン名: HP01440

配列

ATGTGTACGG GAAATGTGC CCGCTGTGTG GGGCTCTCCC TCATTACCCT CTGCCTCGTC	60
TGCATTGTGG CCAACGCCCT CCTGCTGGTA CCTAATGGGG AGACCTCCTG GACCAACACC	120
AACCATCTCA GCTTGCAAGT CTGGCTCATG GGCGGCTTCA TTGGCGGGGG CCTAATGGTA	180
CTGTGTCCGG GGATTGCAGC CGTTCGGGCA GGGGGCAAGG GCTGCTGTGG TGCTGGGTGC	240
TGTGGAACC GCTGCAGGAT GCTGCGCTCG GTCTTCTCCT CGGCGTTCGG GGTGCTTGGT	300
GCCATCTACT GCCTCTCGGT GTCTGGAGCT GGGCTCCGAA ATGGACCCAG ATGCTTAATG	360
AACGGCGAGT GGGGCTACCA CTTGAAGAC ACCGCGGGAG CTTACTTGCT CAACCGCACT	420
CTATGGGATC GGTGCGAGGC GGGGCTCGC GTGGTCCCCT GGAATGTGAC GCTCTTCTCG	480
CTGCTGGTGG CCGCCTCCTG CCTGGAGATA GTACTGTGTG GGATCCAGCT GGTGAACGCG	540
ACCATGGTG TCTTCTGCGG CGATTGCAGG AAAAAACAGG ACACCCCTCA C	591

【0123】

配列番号: 23

配列の長さ: 663

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: cDNA to mRNA

起源:

生物名: ホモ=サピエンス

細胞の種類: 胃癌

クローン名: HP01526

配列

ATGGAGGCGG GCGGCTTTCT GGA CTGCTC ATTTACGGAG CATGCGTGGT CTTACCCCTT	60
---	----

特平 9-144948

GGCATGTTCT CCGCCGGCCT CTCGGACCTC AGGCACATGC GAATGACCCG GAGTGTGGAC	120
AACGTCCAGT TCCTGCCCTT TCTCACCACG GAAGTCAACA ACCTGGGCTG GCTGAGTTAT	180
GGGGCTTTGA AGGGAGACGG GATCCTCATC GTCGTCAACA CAGTGGGTGC TGGCCTTCAG	240
ACCCTGTATA TCTTGGCATA TCTGCATTAC TGGCCTCGGA AGCGTGTGT GCTCCTACAG	300
ACTGCAACCC TGCTAGGGGT CCTTCTCCTG GGTTATGGCT ACTTTTGGCT CCTGGTACCC	360
AACCCTGAGG CCCGGGTTCA GCAGTTGGGC CTCTTCTGCA GTGTCTTCAC CATCAGCATG	420
TACCTCTCAC CACTGGCTGA CTTGGCTAAG GTGATTCAAA CTAAATCAAC CCAATGTCTC	480
TCCTACCCAC TCACCATTGC TACCCTTCTC ACCTCTGCCT CCTGGTGCCT CTATGGGTTT	540
CGACTCAGAG ATCCCTATAT CATGGTGTCC AACTTTCCAG GAATCGTCAC CAGCTTTATC	600
CGCTTCTGGC TTTTCTGGAA GTACCCCCAG GAGCAAGACA GGAAGTACTG GCTCCTGCAA	660
ACC	663

【0124】

配列番号：24

配列の長さ：753

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10230

配列

ATGTCGGACA TCGGAGACTG GTTCAGGAGC ATCCCGGCGA TCACGCGCTA TTGGTTCGCC	60
GCCACCGTCG CCGTGCCCTT GGTGGGCAAA CTCGGCCTCA TCAGCCCGGC CTACCTCTTC	120
CTCTGGCCCG AAGCCTTCCT TTATCGCTTT CAGATTTGGA GGCCAATCAC TGCCACCTTT	180
TATTTCCCTG TGGGTCCAGG AACTGGATTT CTTTATTTGG TCAATTTATA TTTCTTATAT	240
CAGTATTCTA CGCGACTTGA AACAGGAGCT TTTGATGGGA GGCCAGCAGA CTATTTATTC	300
ATGCTCCTCT TTAAGTGGAT TTGCATCGTG ATTACTGGCT TAGCAATGGA TATGCAGTTG	360

特平 9-144948

CTGATGATTC CTCTGATCAT GTCAGTACTT TATGTCTGGG CCCAGCTGAA CAGAGACATG	420
ATTGTATCAT TTTGGTTTGG AACACGATTT AAGGCCTGCT ATTTACCCTG GGTATCCTT	480
GGATTCAACT ATATCATCGG AGGCTCGGTA ATCAATGAGC TTATTGGAAA TCTGGTTGGA	540
CATCTTTATT TTTTCCTAAT GTTCAGATAC CCAATGGACT TGGGAGGAAG AAATTTTCTA	600
TCCACACCTC AGTTTTTGTA CCGCTGGCTG CCCAGTAGGA GAGGAGGAGT ATCAGGATTT	660
GGTGTGCCCC CTGCTAGCAT GAGGCGAGCT GCTGATCAGA ATGGCGGAGG CGGGAGACAC	720
AACTGGGGCC AGGGCTTTCG ACTTGGAGAC CAG	753

【0125】

配列番号：25

配列の長さ：318

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10389

配列

ATGGCGACTC CCGGCCCTGT GATTCCGGAG GTCCCCTTTG AACCATCGAA GCCTCCAGTC	60
ATTGAGGGGC TGAGCCCCAC TGTTTACAGG AATCCAGAGA GTTCAAGGA AAAGTTCGTT	120
CGCAAGACCC GCGAGAACCC GGTGGTACCC ATAGGTTGCC TGGCCACGGC GGCCGCCCTC	180
ACCTACGGCC TCTACTCCTT CCACCGGGGC AACAGCCAGC GCTCTCAGCT CATGATGCGC	240
ACCCGATCG CCGCCAGGG TTTCACGGTC GCAGCCATCT TGCTGGGTCT GGCTGTCACT	300
GCTATGAAGT CTCGACCC	318

【0126】

配列番号：26

配列の長さ：234

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10408

配列

ATGGGGTCTG GGCTGCCCCT TGTCTCTCTC TTGACCCTCC TTGGCAGCTC ACATGGAACA	60
GGGCCGGGTA TGA CTTTGCA ACTGAAGCTG AAGGAGTCTT TTCTGACAAA TTCCTCCTAT	120
GAGTCCAGCT TCCTGGAATT GCTTGAAAAG CTCTGCCTCC TCCTCCATCT CCCTTCAGGG	180
ACCAGCGTCA CCCTCCACCA TGCAAGATCT CAACACCATG TTGTCTGCAA CACA	234

【0127】

配列番号：27

配列の長さ：942

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10412

配列

ATGGTGGCGC CTGTGTGGTA CTTGGTAGCG GCGGCTCTGC TAGTCGGCTT TATCCTCTTC	60
CTGACTCGCA GCCGGGGCCG GGCGGCATCA GCCGGCCAAG AGCCACTGCA CAATGAGGAG	120
CTGGCAGGAG CAGGCCGGGT GGCCAGCCT GGGCCCCTGG AGCCTGAGGA GCCGAGAGCT	180
GGAGGCAGGC CTCGGCGCCG GAGGGACCTG GGCAGCCGCC TACAGGCCCA GCGTCGAGCC	240

CAGCGGGTGG CCTGGGCAGA AGCAGATGAG AACGAGGAGG AAGCTGTCAT CCTAGCCCAG 300  
 GAGGAGGAAG GTGTCGAGAA GCCAGCGGAA ACTCACCTGT CGGGGAAAAT TGGAGCTAAG 360  
 AAAGTGGGGA AGCTGGAGGA GAAACAAGCG CGAAAGGCC AGCGTGAGGC AGAGGAGGCT 420  
 GAACGTGAGG AGCGGAAACG ACTCGAGTCC CAGCGCGAAG CTGAGTGGA GAAGGAGGAG 480  
 GAGCGGCTTC GCCTGGAGGA GGAGCAGAAG GAGGAGGAGG AGAGGAAGGC CCGCGAGGAG 540  
 CAGGCCCAGC GGGAGCATGA GGAGTACCTG AAAGTGAAGG AGGCCTTTGT GGTGGAGGAG 600  
 GAAGGCGTAG GAGAGACCAT GACTGAGGAA CAGTCCCAGA GCTTCCTGAC AGAGTTCATC 660  
 AACTACATCA AGCAGTCCAA GGTTGTGCTC TTGGAAGACC TGGCTTCCCA GGTGGGCCTA 720  
 CGCACTCAGG ACACCATAAA TCGCATCCAG GACCTGCTGG CTGAGGGGAC TATAACAGGT 780  
 GTGATTGACG ACCGGGGCAA GTTCATCTAC ATAACCCAG AGGAACTGGC CGCCGTGGCC 840  
 AACTTCATCC GACAGCGGGG CCGGGTGTCC ATCGCCGAGC TTGCCAAGC CAGCAACTCC 900  
 CTCATCGCCT GGGGCCGGGA GTCCCTGCC CAAGCCCCAG CC 942

【0128】

配列番号：28

配列の長さ：585

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10413

配列

ATGGCTGCCG AGGATGTGGT GCGACTGGC GCCGACCCAA GCGATCTGGA GAGCGGCGGG 60  
 CTGCTGCATG AGATTTTCAC GTCGCCGCTC AACCTGCTGC TGCTTGGCCT CTGCATCTTC 120  
 CTGCTCTACA AGATCGTGCG CGGGGACCAG CCGGCGGCCA GCGGCGACAG CGACGACGAC 180  
 GAGCGGCCCC CTCTGCCCCG CCTCAAGCGG CGCGACTTCA CCCCCGCCGA GCTGCGGCGC 240  
 TTCGACGGCG TCCAGGACCC GCGCATACTC ATGGCCATCA ACGGCAAGGT GTTCGATGTG 300

ACCAAAGGCC GCAAATTCTA CGGGCCCGAG GGGCCGTATG GGGTCTTTGC TGGAAGAGAT 360  
GCATCCAGGG GCCTTGCCAC ATTTTGCCCTG GATAAGGAAG CACTGAAGGA TGAGTACGAT 420  
GACCTTTCTG ACCTCACTGC TGCCCAGCAG GAGACTCTGA GTGACTGGGA GTCTCAGTTC 480  
ACTTTCAAGT ATCATCACGT GGGCAAACCTG CTGAAGGAGG GGGAGGAGCC CACTGTGTAC 540  
TCAGATGAGG AAGAACCAAA AGATGAGAGT GCCCGGAAAA ATGAT 585

【0129】

配列番号：29

配列の長さ：1386

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10415

配列

ATGTTGGA CTGCGATCTT CGCCGTTACC TTCTTGCTGG CGTTGGTGGG AGCCGTGCTC 60  
TACCTCTATC CGGCTTCCAG ACAAGCTGCA GGAATTCCAG GGATTACTCC AACTGAAGAA 120  
AAAGATGGTA ATCTTCCAGA TATTGTGAAT AGTGGAAGTT TGCATGAGTT CCTGGTTAAT 180  
TTGCATGAGA GATATGGGCC TGTGGTCTCC TTCTGGTTTG GCAGGCGCCT CGTGGTTAGT 240  
TTGGGCACTG TTGATGTACT GAAGCAGCAT ATCAATCCCA ATAAGACATT GGACCCTTTT 300  
GAAACCATGC TGAAGTCATT ATTAAGGTAT CAATCTGGTG GTGGCAGTGT GAGTGAAAAC 360  
CACATGAGGA AAAAAATTGTA TGAAAAATGGT GTGACTGATT CTCTGAAGAG TAACTTTGCC 420  
CTCCTCCTAA AGCTTTCAGA AGAATTATTA GATAAATGGC TCTCCTACCC AGAGACCCAG 480  
CACGTGCCCC TCAGCCAGCA TATGCTTGGT TTTGCTATGA AGTCTGTTAC ACAGATGGTA 540  
ATGGGTAGTA CATTTGAAGA TGATCAGGAA GTCATTGCTT TCCAGAAGAA TCATGGCACA 600  
GTTTGGTCTG AGATTGGAAG AGGCTTTCTA GATGGGTGAC TTGATAAAAA CATGACTCGG 660  
AAAAAACAAT ATGAAGATGC CCTCATGCAA CTGGAGTCTG TTTTAAGGAA CATCATAAAA 720

GAACGAAAAG GAAGGAACTT CAGTCAACAT ATTTTCATTG ACTCCTTAGT ACAAGGGAAC 780  
 CTTAATGACC AACAGATCCT AGAAGACAGT ATGATATTTT CTCTGGCCAG TTGCATAATA 840  
 ACTGCAAAAT TGTGTACCTG GGCAATCTGT TTTTAAACCA CCTCTGAAGA AGTTCAAAAA 900  
 AAATTATATG AAGAGATAAA CCAAGTTTTT GGAAATGGTC CTGTTACTCC AGAGAAAAAT 960  
 GAGCAGCTCA GATATTGTCA GCATGTGCTT TGTGAACTG TTCGAACTGC CAACTGACT 1020  
 CCAGTTTCTG CCCAGCTTCA AGATATTGAA GGAAAAATTG ACCGATTAT TATTCCTAGA 1080  
 GAGACCCTCG TCCTTTATGC CCTTGGTGTG GTACTTCAGG ATCCTAATAC TTGGCCATCT 1140  
 CCACACAAGT TTGATCCAGA TCGGTTTGAT GATGAATTAG TAATGAAAAC TTTTTCCTCA 1200  
 CTTGGATTCT CAGGCACACA GGAGTGCCA GAGTTGAGGT TTGCATATAT GGTGACCACA 1260  
 GTACTTCTTA GTGATTGGT GAAGAGACTG CACCTACTTT CTGTGGAGGG ACAGGTTATT 1320  
 GAAACAAAGT ATGAACTGGT AACATCATCA AGGGAAGAAG CTTGGATCAC TGTCTCAAAG 1380  
 AGATAT 1386

【0130】

配列番号：30

配列の長さ：741

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10419

配列

ATGGGGGCTG CGGTGTTTTT CGGCTGCACT TTCGTCGCGT TCGGCCCGGC CTTGCGGCTT 60  
 TTCTTGATCA CTGTGGCTGG GGACCCGCTT CGCGTTATCA TCCTGGTCGC AGGGGCATT 120  
 TTCTGGCTGG TCTCCCTGCT CCTGGCCTCT GTGGTCTGGT TCATCTTGGT CCATGTGACC 180  
 GACCGGTCAG ATGCCCGGCT CCAGTACGGC CTCCTGATTT TTGGTGCTGC TGTCTCTGTC 240  
 CTTCTACAGG AGGTGTTCCG CTTTGCCTAC TACAAGCTGC TTAAGAAGGC AGATGAGGGG 300

TTAGCATCGC TGAGTGAGGA CGGAAGATCA CCCATCTCCA TCCGCCAGAT GGCCTATGTT	360
TCTGGTCTCT CCTTCGGTAT CATCAGTGGT GTCTTCTCTG TTATCAATAT TTTGGCTGAT	420
GCACCTTGGGC CAGGTGTGGT TGGGATCCAT GGAGACTCAC CCTATTACTT CCTGACTTCA	480
GCCTTTCTGA CAGCAGCCAT TATCCTGCTC CATACCTTTT GGGGAGTTGT GTTCTTTGAT	540
GCCTGTGAGA GGAGACGGTA CTGGGCTTTG GGCCTGGTGG TTGGGAGTCA CCTACTGACA	600
TCGGGACTGA CATTCCTGAA CCCCTGGTAT GAGGCCAGCC TGCTGCCCAT CTATGCAGTC	660
ACTGTTTCCA TGGGGCTCTG GGCCTTCATC ACAGCTGGAG GGTCCCTCCG AAGTATTCAG	720
CGCAGCCTCT TGTGTAAGGA C	741

【0131】

配列番号：31

配列の長さ：339

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10424

配列

ATGAACCTCT ATTTACTCCT AGCGAGCAGC ATTCTGTGTG CCTTGATTGT CTTCTGGA	60
TATCGCCGCT TTCAGAGAAA CACTGGCGAA ATGTCATCAA ATTCAACTGC TCTTGCACTA	120
GTGAGACCCT CTTCTTCTGG GTTAATTAAC AGCAATACAG ACAACAATCT TGCAGTCTAC	180
GACCTCTCTC GGGATATTTT AAATAATTTT CCACACTCAA TAGCCAGGCA GAAGCGAATA	240
TTGGTAAACC TCAGTATGGT GGAAAAACAAG CTGGTTGAAC TGGAACATAC TCTACTTAGC	300
AAGGGTTTCA GAGGTGCATC ACCTCACC GG AAATCCACC	339

【0132】

配列番号：32

配列の長さ：1095

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10428

配列

ATGGGGAGGT GGGCCCTCGA TGTGGCCTTT TTGTGGAAGG CGGTGTTGAC CCTGGGGCTG	60
GTCCTTCTCT ACTACTGCTT CTCCATCGGC ATCACCTTCT ACAACAAGTG GCTGACAAAG	120
AGCTTCCATT TCCCCCTCTT CATGACGATG CTGCACCTGG CCGTGATCTT CCTCTTCTCC	180
GCCCTGTCCA GGGCGCTGGT TCAGTGCTCC AGCCACAGGG CCCGTGTGGT GCTGAGCTGG	240
GCCGACTACC TCAGAAGAGT GGCTCCCACA GCTCTGGCGA CGGCGCTTGA CGTGGGCTTG	300
TCCAAC TGGA GCTTCCTGTA TGTACCGTC TCGCTGTACA CAATGACCAA ATCCTCAGCT	360
GTCCTCTTCA TCTTGATCTT CTCTCTGATC TTCAAGCTGG AGGAGCTGCG CGCGGCACTG	420
GTCCTGGTGG TCCTCCTCAT CGCCGGGGGT CTCTTCATGT TCACCTACAA GTCCACACAG	480
TTCAACGTGG AGGGCTTCGC CTTGGTGCTG GGGGCCTCGT TCATCGGTGG CATTGCTGG	540
ACCCTACCC AGATGCTCCT GCAGAAGGCT GAACTCGGCC TCCAGAATCC CATCGACACC	600
ATGTTCCACC TGCAGCCACT CATGTTCCTG GGGCTCTTCC CTCTCTTTGC TGTATTGAA	660
GGTCTCCATT TGTCCACATC TGAGAAAATC TTCCGTTTCC AGGACACAGG GCTGCTCCTG	720
CGGGTACTTG GGAGCCTCTT CCTTGGCGGG ATTCTCGCCT TTGGTTTGGG CTTCTCTGAG	780
TTCTCCTGG TCTCCAGAAC CTCCAGCCTC ACTCTCTCCA TTGCCGGCAT TTTTAAGGAA	840
GTCTGCACTT TGCTGTTGGC AGCTCATCTG CTGGGCGATC AGATCAGCCT CCTGAACTGG	900
CTGGGCTTCG CCCTCTGCCT CTCGGGAATA TCCCTCCACG TTGCCCTCAA AGCCCTGCAT	960
TCCAGAGGTG ATGGTGGCCC CAAGGCCTTG AAGGGGCTGG GCTCCAGCCC CGACCTGGAG	1020
CTGCTGCTCC GGAGCAGCCA GCGGGAGGAA GGTGACAATG AGGAGGAGGA GTACTTTGTG	1080
GCCCAGGGGC AGCAG	1095

【0133】

配列番号：33

配列の長さ：678

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10429

配列

ATGCCTACCA CAAAGAAGAC ATTGATGTTT TTATCAAGCT TTTTCACCAG CCTTGGGTCC	60
TTCATTGTAA TTTGCTCTAT TCTTGGGACA CAAGCATGGA TCACCAGTAC AATTGCTGTT	120
AGAGACTCTG CTTCAAATGG GAGCATTTC ATCACTTACG GACTTTTTTCG TGGGGAGAGT	180
AGTGAAGAAT TGAGTCACGG ACTTGCAGAA CCAAAGAAAA AGTTTGCACT TTTAGAGATA	240
CTGAATAATT CTTCCTCAAAA AACTCTGCAT TCGGTGACTA TCCTGTTCCCT GGTCTGAGT	300
TTGATCACGT CGCTGCTGAG CTCTGGGTTT ACCTTCTACA ACAGCATCAG CAACCCTTAC	360
CAGACATTCC TGGGGCCGAC GGGGGTGTAC ACCTGGAACG GGCTCGGTGC ATCCTTCGTT	420
TTTGTGACCA TGATACTGTT TGTGGCGAAC ACGCAGTCCA ACCAACTCTC CGAAGAGTTG	480
TTCCAAATGC TTTACCCGGC AACCACCAGT AAAGGAACGA CCCACAGTTA CGGATACTCG	540
TTCTGGCTCA TACTGCTCGT CATTCTTCTA AATATAGTCA CTGTAACCAT CATCATTTTC	600
TACCAGAAGG CCAGATACCA GCGGAAGCAG GAGCAGAGAA AGCCAATGGA ATATGCTCCA	660
AGGGACGGAA TTTTATTC	678

【0134】

配列番号：34

配列の長さ：387

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP10432

配列

ATGGCTCGGG GCTCGCTGCG CCGGTTGCTG CGGCTCCTCG TGCTGGGGCT CTGGCTGGCG	60
TTGCTGCGCT CCGTGGCCGG GGAGCAAGCG CCAGGCACCG CCCCCTGCTC CCGCGGCAGC	120
TCCTGGAGCG CGGACCTGGA CAAGTGCATG GACTGCGCGT CTTGCAGGGC GCGACCGCAC	180
AGCGACTTCT GCCTGGGCTG CGCTGCAGCA CCTCCTGCCC CTTCCGGCT GCTTTGGCCC	240
ATCCTTGGGG GCGCTCTGAG CCTGACCTTC GTGCTGGGGC TGCTTTCTGG CTTTTTGGTC	300
TGGAGACGAT GCCGCAGGAG AGAGAAGTTC ACCACCCCCA TAGAGGAGAC CGGCGGAGAG	360
GGCTGCCCAG CTGTGGCGCT GATCCAG	387

【0135】

配列番号：35

配列の長さ：489

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP10433

配列

ATGCGACGGC TGCTGATCCC TCTGGCCCTG TGGCTGGGCG CGGTGGGCGT GGGCGTCGCC	60
GAGCTCACGG AAGCCCAGCG CCGGGGCCTG CAGGTGGCCC TGGAGGAATT TCACAAGCAC	120
CCGCCCCTGC AGTGGGCCTT CCAGGAGACC AGTGTGGAGA GCGCCGTGGA CACGCCCTTC	180

特平 9-144948

CCAGCTGGAA TATTTGTGAG GCTGGAATTT AAGCTGCAGC AGACAAGCTG CCGGAAGAGG 240  
 GACTGGAAGA AACCCGAGTG CAAAGTCAGG CCCAATGGGA GGAAACGGAA ATGCCTGGCC 300  
 TGCATCAAAC TGGGCTCTGA GGACAAAGTT CTGGGCCGGT TGGTCCACTG CCCCATAGAG 360  
 ACCCAAGTTC TGCGGGAGGC TGAGGAGCAC CAGGAGACCC AGTGCCTCAG GGTGCAGCGG 420  
 GCTGGTGAGG ACCCCCACAG CTTCTACTTC CCTGGACAGT TCGCCTTCTC CAAGGCCCTG 480  
 CCCCCGAGC 489

【0136】

配列番号：36

配列の長さ：579

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10480

配列

ATGATCCGCT GCGGCCTGGC CTGCGAGCGC TGCCGCTGGA TCCTGCCCTT GCTCCTACTC 60  
 AGCGCCATCG CCTTCGACAT CATCGCGCTG GCCGGCCGCG GCTGGTTGCA GTCTAGCGAC 120  
 CACGGCCAGA CGTCCTCGCT GTGGTGAAA TGCTCCCAAG AGGGCGGCGG CAGCGGGTCC 180  
 TACGAGGAGG GCTGTCAGAG CCTCATGGAG TACGCGTGGG GTAGAGCAGC GGCTGCCATG 240  
 CTCTTCTGTG GCTTCATCAT CCTGGTGATC TGTTTCATCC TCTCCTTCTT CGCCCTCTGT 300  
 GGACCCCAAG TGCTTGCTT CCTGAGAGTG ATTGGAGGTC TCCTTGCCCTT GGCTGCTGTG 360  
 TTCCAGATCA TCTCCCTGGT AATTTACCCC GTGAAGTACA CCCAGACCTT CACCCTTCAT 420  
 GCCAACCGTG CTGTCACTTA CATCTATAAC TGGGCCTACG GCTTTGGGTG GGCAGCCACG 480  
 ATTATCCTGA TCGGCTGTGC CTTCTTCTTC TGCTGCCTCC CCAACTACGA AGATGACCTT 540  
 CTGGGCAATG CCAAGCCCAG GACTTCTAC ACATCTGCC 579

【0137】

配列番号：37

配列の長さ：1502

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01263

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：37..1185

特徴を決定した方法：E

配列

ACAACTGAC CCATCCTGGG CCTTGTCTC CACAGA ATG GGT CTG CTC CTT CCC	54
Met Gly Leu Leu Leu Pro	
1 5	
CTG GCA CTC TGC ATC CTA GTC CTG TGC TGC GGA GCA ATG TCT CCA CCC	102
Leu Ala Leu Cys Ile Leu Val Leu Cys Cys Gly Ala Met Ser Pro Pro	
10 15 20	
CAG CTG GCC CTC AAC CCC TCG GCT CTG CTC TCC CGG GGC TGC AAT GAC	150
Gln Leu Ala Leu Asn Pro Ser Ala Leu Leu Ser Arg Gly Cys Asn Asp	
25 30 35	
TCC GAT GTG CTG GCA GTT GCA GGC TTT GCC CTG CGG GAT ATT AAC AAA	198
Ser Asp Val Leu Ala Val Ala Gly Phe Ala Leu Arg Asp Ile Asn Lys	
40 45 50	
GAC AGA AAG GAT GGC TAT GTG CTG AGA CTC AAC CGA GTG AAC GAC GCC	246
Asp Arg Lys Asp Gly Tyr Val Leu Arg Leu Asn Arg Val Asn Asp Ala	

特平 9-144948

55	60	65	70	
CAG GAA TAC AGA CGG GGT GGC CTG GGA TCT CTG TTC TAT CTT ACA CTG				294
Gln Glu Tyr Arg Arg Gly Gly Leu Gly Ser Leu Phe Tyr Leu Thr Leu				
	75	80	85	
GAT GTG CTA GAG ACT GAC TGC CAT GTG CTC AGA AAG AAG GCA TGG CAA				342
Asp Val Leu Glu Thr Asp Cys His Val Leu Arg Lys Lys Ala Trp Gln				
	90	95	100	
GAC TGT GGA ATG AGG ATA TTT TTT GAA TCA GTT TAT GGT CAA TGC AAA				390
Asp Cys Gly Met Arg Ile Phe Phe Glu Ser Val Tyr Gly Gln Cys Lys				
	105	110	115	
GCA ATA TTT TAT ATG AAC AAC CCA AGT AGA GTT CTC TAT TTA GCT GCT				438
Ala Ile Phe Tyr Met Asn Asn Pro Ser Arg Val Leu Tyr Leu Ala Ala				
	120	125	130	
TAT AAC TGT ACT CTT CGC CCA GTT TCA AAA AAA AAG ATT TAC ATG ACG				486
Tyr Asn Cys Thr Leu Arg Pro Val Ser Lys Lys Lys Ile Tyr Met Thr				
	135	140	145	150
TGC CCT GAC TGC CCA AGC TCC ATA CCC ACT GAC TCT TCC AAT CAC CAA				534
Cys Pro Asp Cys Pro Ser Ser Ile Pro Thr Asp Ser Ser Asn His Gln				
	155	160	165	
GTG CTG GAG GCT GCC ACC GAG TCT CTT GCG AAA TAC AAC AAT GAG AAC				582
Val Leu Glu Ala Ala Thr Glu Ser Leu Ala Lys Tyr Asn Asn Glu Asn				
	170	175	180	
ACA TCC AAG CAG TAT TCT CTC TTC AAA GTC ACC AGG GCT TCT AGC CAG				630
Thr Ser Lys Gln Tyr Ser Leu Phe Lys Val Thr Arg Ala Ser Ser Gln				
	185	190	195	
TGG GTG GTC GGC CCT TCT TAC TTT GTG GAA TAC TTA ATT AAA GAA TCA				678
Trp Val Val Gly Pro Ser Tyr Phe Val Glu Tyr Leu Ile Lys Glu Ser				
	200	205	210	
CCA TGT ACT AAA TCC CAG GCC AGC AGC TGT TCA CTT CAG TCC TCC GAC				726

[illegible]

GCC AGC CCT CTT GTC CTT CCG CCA TGAGAATCAC ACAGAGTCTT CTGTAGGG 1210

Ala Ser Pro Leu Val Leu Pro Pro

375

380

GTATGGTGCG CCGCATGACA TGGGAGGCGA TGGGGACGAT GGACAGAGAC AGAGCGTGCA 1270

CACGTAGAGT GGCTAGTGAA GGACGCCTTT TTGACTCTTC TTGGTCTCAG CATGTTGACT 1330

GGGATTGGAA ATAATGAGAC TGAGCCCTCG GCTTGGGCTG CACTCTACCC TGTACACTGC 1390

CTTGTAACCT GAGCTGCATC ACCTCCTAAA CTGAGCAGTC TCATACCATG GAGAGATGCC 1450

TCTCTTATGT CTTAGCCAC TCACTTATAA AGATACTTAT CTTTTCAGCA GT 1502

【0138】

配列番号：38

配列の長さ：1349

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01299

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：111...1064

特徴を決定した方法：E

配列

AGCAGTTGGG GCAGGAGGAA GCCGACTGCT GCCTGGTCTG CAAAGAAGTC CTTTCAAGTC 60

TCTAGGACTG GACTCTTCCT AAGCAAGTCC GAGAAGGAAG CACCCTCACT ATG TGG 116

Met Trp

1

CTC TAC CTG GCG GCC TTC GTG GGC CTG TAC TAC CTT CTG CAC TGG TAC 164

特平 9-144948

Leu Tyr Leu Ala Ala Phe Val Gly Leu Tyr Tyr Leu Leu His Trp Tyr	
5 10 15	
CGG GAG AGG CAG GTG GTG AGC CAC CTC CAA GAC AAG TAT GTC TTT ATC	212
Arg Glu Arg Gln Val Val Ser His Leu Gln Asp Lys Tyr Val Phe Ile	
20 25 30	
ACG GGC TGT GAC TCG GGC TTT GGG AAC CTG CTG GCC AGA CAG CTG GAT	260
Thr Gly Cys Asp Ser Gly Phe Gly Asn Leu Leu Ala Arg Gln Leu Asp	
35 40 45 50	
GCA CGA GGC TTG AGA GTG CTG GCT GCG TGT CTG ACG GAG AAG GGG GCC	308
Ala Arg Gly Leu Arg Val Leu Ala Ala Cys Leu Thr Glu Lys Gly Ala	
55 60 65	
GAG CAG CTG AGG GGC CAG ACG TCT GAC AGG CTG GAG ACG GTG ACC CTG	356
Glu Gln Leu Arg Gly Gln Thr Ser Asp Arg Leu Glu Thr Val Thr Leu	
70 75 80	
GAT GTT ACC AAG ATG GAG AGC ATC GCT GCA GCT ACT CAG TGG GTG AAG	404
Asp Val Thr Lys Met Glu Ser Ile Ala Ala Ala Thr Gln Trp Val Lys	
85 90 95	
GAG CAT GTG GGG GAC AGA GGA CTC TGG GGA CTG GTG AAC AAT GCA GGC	452
Glu His Val Gly Asp Arg Gly Leu Trp Gly Leu Val Asn Asn Ala Gly	
100 105 110	
ATT CTT ACA CCA ATT ACC TTA TGT GAG TGG CTG AAC ACT GAG GAC TCT	500
Ile Leu Thr Pro Ile Thr Leu Cys Glu Trp Leu Asn Thr Glu Asp Ser	
115 120 125 130	
ATG AAT ATG CTC AAA GTG AAC CTC ATT GGT GTG ATC CAG GTG ACC TTG	548
Met Asn Met Leu Lys Val Asn Leu Ile Gly Val Ile Gln Val Thr Leu	
135 140 145	
AGC ATG CTT CCT TTG GTG AGG AGA GCA CGG GGA AGA ATT GTC AAT GTC	596
Ser Met Leu Pro Leu Val Arg Arg Ala Arg Gly Arg Ile Val Asn Val	
150 155 160	

特平 9-144948

TCC AGC ATT CTG GGA AGA GTT GCT TTC TTT GTA GGA GGC TAC TGT GTC	644
Ser Ser Ile Leu Gly Arg Val Ala Phe Phe Val Gly Gly Tyr Cys Val	
165 170 175	
TCC AAG TAT GGA GTG GAA GCC TTT TCA GAT ATT CTG AGG CGT GAG ATT	692
Ser Lys Tyr Gly Val Glu Ala Phe Ser Asp Ile Leu Arg Arg Glu Ile	
180 185 190	
CAA CAT TTT GGG GTG AAA ATC AGC ATA GTT GAA CCT GGC TAC TTC AGA	740
Gln His Phe Gly Val Lys Ile Ser Ile Val Glu Pro Gly Tyr Phe Arg	
195 200 205 210	
ACG GGA ATG ACA AAC ATG ACA CAG TCC TTA GAG CGA ATG AAG CAA AGT	788
Thr Gly Met Thr Asn Met Thr Gln Ser Leu Glu Arg Met Lys Gln Ser	
215 220 225	
TGG AAA GAA GCC CCC AAG CAT ATT AAG GAG ACC TAT GGA CAG CAG TAT	836
Trp Lys Glu Ala Pro Lys His Ile Lys Glu Thr Tyr Gly Gln Gln Tyr	
230 235 240	
TTT GAT GCC CTT TAC AAT ATC ATG AAG GAA GGG CTG TTG AAT TGT AGC	884
Phe Asp Ala Leu Tyr Asn Ile Met Lys Glu Gly Leu Leu Asn Cys Ser	
245 250 255	
ACA AAC CTG AAC CTG GTC ACT GAC TGC ATG GAA CAT GCT CTG ACA TCG	932
Thr Asn Leu Asn Leu Val Thr Asp Cys Met Glu His Ala Leu Thr Ser	
260 265 270	
GTG CAT CCG CGA ACT CGA TAT TCA GCT GGC TGG GAT GCT AAA TTT TTC	980
Val His Pro Arg Thr Arg Tyr Ser Ala Gly Trp Asp Ala Lys Phe Phe	
275 280 285 290	
TTC ATC CCT CTA TCT TAT TTA CCT ACA TCA CTG GCA GAC TAC ATT TTG	1028
Phe Ile Pro Leu Ser Tyr Leu Pro Thr Ser Leu Ala Asp Tyr Ile Leu	
295 300 305	
ACT AGA TCT TGG CCC AAA CCA GCC CAG GCA GTC TAAAGAAAAC TGGGTTGGT	1080
Thr Arg Ser Trp Pro Lys Pro Ala Gln Ala Val	

310

315

GCTTCTTGGA ATGAAGGCAA AAATCTGAAA TTGTTAGTGT CTCAGTAATC CTGATTTAGA 1140  
 ACCCAGGCTT TTTGTAACAA TGTGTTTTCT TGCCTAAATT CATTATCTG GCATCATCAG 1200  
 AGTACTAACA TGTTTATATT TCAGATATCC AAAGCTTACC ACTTTAGGTG ATGAATCTTT 1260  
 ACTATTTTAG CCCTTTTTTG ATGAGACTAT TTGTCTAAAG TGAATCATTT GTTCTTGCCT 1320  
 TATTAAACAG AGTAGATGGA AAACAATTT 1349

【0139】

配列番号：39

配列の長さ：1643

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01347

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：25..915

特徴を決定した方法：E

配列

AACATCTGGG GACAGCGGGA AAAC ATG AGT GAC TCC AAG GAA CCA AGG GTG 51  
 Met Ser Asp Ser Lys Glu Pro Arg Val  
 1 5  
 CAG CAG CTG GGC CTC CTG GGG TGT CTT GGC CAT GGC GCC CTG GTG CTG 99  
 Gln Gln Leu Gly Leu Leu Gly Cys Leu Gly His Gly Ala Leu Val Leu  
 10 15 20 25  
 CAA CTC CTC TCC TTC ATG CTC TTG GCT GGG GTC CTG GTG GCC ATC CTT 147

特平 9-144948

Gln Leu Leu Ser Phe Met Leu Leu Ala Gly Val Leu Val Ala Ile Leu	
30 35 40	
GTC CAA GTG TCC AAG GTC CCC AGC TCC CTA AGT CAG GAA CAA TCC GAG	195
Val Gln Val Ser Lys Val Pro Ser Ser Leu Ser Gln Glu Gln Ser Glu	
45 50 55	
CAA GAC GCA ATC TAC CAG AAC CTG ACC CAG CTT AAA GCT GCA GTG GGT	243
Gln Asp Ala Ile Tyr Gln Asn Leu Thr Gln Leu Lys Ala Ala Val Gly	
60 65 70	
GAG CTC TCA GAG AAA TCC AAG CTG CAG GAG ATC TAC CAG GAG CTG ACC	291
Glu Leu Ser Glu Lys Ser Lys Leu Gln Glu Ile Tyr Gln Glu Leu Thr	
75 80 85	
CAG CTG AAG GCT GCA GTG GGT GAG TTG CCA GAG AAA TCC AAG CTG CAG	339
Gln Leu Lys Ala Ala Val Gly Glu Leu Pro Glu Lys Ser Lys Leu Gln	
90 95 100 105	
GAG ATC TAC CAG GAG CTG ACC CGG CTG AAG GCT GCA GTG GGT GAG TTG	387
Glu Ile Tyr Gln Glu Leu Thr Arg Leu Lys Ala Ala Val Gly Glu Leu	
110 115 120	
CCA GAG AAA TCC AAG CTG CAG GAG ATC TAC CAG GAG CTG ACC CGG CTG	435
Pro Glu Lys Ser Lys Leu Gln Glu Ile Tyr Gln Glu Leu Thr Arg Leu	
125 130 135	
AAG GCT GCA GTG GGT GAG TTG CCA GAG AAA TCC AAG CTG CAG GAG ATC	483
Lys Ala Ala Val Gly Glu Leu Pro Glu Lys Ser Lys Leu Gln Glu Ile	
140 145 150	
TAC CAG GAG CTG ACC CGG CTG AAG GCT GCA GTG GGT GAG TTG CCA GAG	531
Tyr Gln Glu Leu Thr Arg Leu Lys Ala Ala Val Gly Glu Leu Pro Glu	
155 160 165	
AAA TCC AAG CTG CAG GAG ATC TAC CAG GAG CTG ACG GAG CTG AAG GCT	579
Lys Ser Lys Leu Gln Glu Ile Tyr Gln Glu Leu Thr Glu Leu Lys Ala	
170 175 180 185	

特平 9-144948

GCA GTG GGT GAG TTG CCA GAG AAA TCC AAG CTG CAG GAG ATC TAC CAG	627
Ala Val Gly Glu Leu Pro Glu Lys Ser Lys Leu Gln Glu Ile Tyr Gln	
190 195 200	
GAG CTG ACC CAG CTG AAG GCT GCA GTG GGT GAG TTG CCA GAC CAG TCC	675
Glu Leu Thr Gln Leu Lys Ala Ala Val Gly Glu Leu Pro Asp Gln Ser	
205 210 215	
AAG CAG CAG CAA ATC TAT CAA GAA CTG ACC GAT TTG AAG ACT GCA TTT	723
Lys Gln Gln Gln Ile Tyr Gln Glu Leu Thr Asp Leu Lys Thr Ala Phe	
220 225 230	
GAA CGC CTG TGC CGC CAC TGT CCC AAG GAC TGG ACA TTC TTC CAA GGA	771
Glu Arg Leu Cys Arg His Cys Pro Lys Asp Trp Thr Phe Phe Gln Gly	
235 240 245	
AAC TGT TAC TTC ATG TCT AAC TCC CAG CGG AAC TGG CAC GAC TCC GTC	819
Asn Cys Tyr Phe Met Ser Asn Ser Gln Arg Asn Trp His Asp Ser Val	
250 255 260 265	
ACC GCC TGC CAG GAA GTG AGG GCC CAG CTC GTC GTA ATC AAA ACT GCT	867
Thr Ala Cys Gln Glu Val Arg Ala Gln Leu Val Val Ile Lys Thr Ala	
270 275 280	
GAG GAG CAG CTT CCA GCG GTA CTG GAA CAG TGG AGA ACC CAA CAA	912
Glu Glu Gln Leu Pro Ala Val Leu Glu Gln Trp Arg Thr Gln Gln	
285 290 295	
TAGCGGGAAT GAAGACTGTG CGGAATTTAG TGGCAGTGGC TGGAAACGACA ATCGATGT	970
GACGTTGACA ATTACTGGAT CTGCAAAAAG CCCGCAGCCT GCTTCAGAGA CGAATAGTTG	1030
TTTCCCTGCT AGCCTCAGCC TCCATTGTGG TATAGCAGAA CTTCAACCCAC TTGTAAGCCA	1090
GCGCTTCTTC TCTCCATCCT TGGACCTTCA CAAATGCCCT GAGACGGTTC TCTGTTCGAT	1150
TTTTCATCCC CTATGAACCT GGGTCTTATT CTGTCTTCT GATGCCTCCA AGTTTCCCTG	1210
GTGTAGAGCT TGTGTTCTTG GCCCATCCTT GGAGCTTTAT AAGTGACCTG ACTGGGATGC	1270
ATTTAGGGGG CGGGCTTGGT ATGTTGTATG AATCCACTCT CTGTTCTTTT TGGAGATTAG	1330
ACTATTTGGA TTCATGTGTA GCTGCCCTGT CCCCTGGGGC TTTATCTCAT CCATGCAAAC	1390

TACCATCTGC TCAACTTCCA GCTACACCCC GTGCACCCTT TTGACTGGGG ACTTGCTGGT 1450  
 TGAAGGAGCT CATCTTGCAG GCTGGAAGCA CCAGGGAATT AATCCCCCA GTCAACCAAT 1510  
 GGCATCCAGA GAGGGCATGG AGGCTCCATA CAACCTCTTC CACCCCCACA TCTTTCTTTG 1570  
 TCCTATACAT GTCTTCCATT TGGCTGTTTC TGAGTTGTAG CCTTTATAAT AAAGTGGTAA 1630  
 ATGTTGTAAC TGC 1643

【0140】

配列番号：40

配列の長さ：729

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP01440

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：38...631

特徴を決定した方法：E

配列

ACTTTCCTC ACCGCCTGTC CTTCTGACA CCTCACC ATG TGT ACG GGA AAA TGT 55  
 Met Cys Thr Gly Lys Cys  
 1 5  
 GCC CGC TGT GTG GGG CTC TCC CTC ATT ACC CTC TGC CTC GTC TGC ATT 103  
 Ala Arg Cys Val Gly Leu Ser Leu Ile Thr Leu Cys Leu Val Cys Ile  
 10 15 20  
 GTG GCC AAC GCC CTC CTG CTG GTA CCT AAT GGG GAG ACC TCC TGG ACC 151  
 Val Ala Asn Ala Leu Leu Leu Val Pro Asn Gly Glu Thr Ser Trp Thr

特平 9-144948

25	30	35	
AAC ACC AAC CAT CTC AGC TTG CAA GTC TGG CTC ATG GGC GGC TTC ATT			199
Asn Thr Asn His Leu Ser Leu Gln Val Trp Leu Met Gly Gly Phe Ile			
40	45	50	
GGC GGC GGC CTA ATG GTA CTG TGT CCG GGC ATT GCA GCC GTT CGG GCA			247
Gly Gly Gly Leu Met Val Leu Cys Pro Gly Ile Ala Ala Val Arg Ala			
55	60	65	70
GGG GGC AAG GGC TGC TGT GGT GCT GGG TGC TGT GGA AAC CGC TGC AGG			295
Gly Gly Lys Gly Cys Cys Gly Ala Gly Cys Cys Gly Asn Arg Cys Arg			
75	80	85	
ATG CTG CGC TCG GTC TTC TCC TCG GCG TTC GGG GTG CTT GGT GCC ATC			343
Met Leu Arg Ser Val Phe Ser Ser Ala Phe Gly Val Leu Gly Ala Ile			
90	95	100	
TAC TGC CTC TCG GTG TCT GGA GCT GGG CTC CGA AAT GGA CCC AGA TGC			391
Tyr Cys Leu Ser Val Ser Gly Ala Gly Leu Arg Asn Gly Pro Arg Cys			
105	110	115	
TTA ATG AAC GGC GAG TGG GGC TAC CAC TTC GAA GAC ACC GCG GGA GCT			439
Leu Met Asn Gly Glu Trp Gly Tyr His Phe Glu Asp Thr Ala Gly Ala			
120	125	130	
TAC TTG CTC AAC CGC ACT CTA TGG GAT CGG TGC GAG GCG CCC CCT CGC			487
Tyr Leu Leu Asn Arg Thr Leu Trp Asp Arg Cys Glu Ala Pro Pro Arg			
135	140	145	150
GTG GTC CCC TGG AAT GTG ACG CTC TTC TCG CTG CTG GTG GCC GCC TCC			535
Val Val Pro Trp Asn Val Thr Leu Phe Ser Leu Leu Val Ala Ala Ser			
155	160	165	
TGC CTG GAG ATA GTA CTG TGT GGG ATC CAG CTG GTG AAC GCG ACC ATT			583
Cys Leu Glu Ile Val Leu Cys Gly Ile Gln Leu Val Asn Ala Thr Ile			
170	175	180	
GGT GTC TTC TGC GGC GAT TGC AGG AAA AAA CAG GAC ACC CCT CAC TG			630

Gly Val Phe Cys Gly Asp Cys Arg Lys Lys Gln Asp Thr Pro His

185

190

195

AGGCTCCACT GACCGCCGGG TTACACCTGC TCCTTCCTGG ACGCCTACCT GGCTCGCTCA 690

CTCCCTTGCT CGCTAGAATA AACTGCTTTG CGCTCTCTT 729

【0141】

配列番号：41

配列の長さ：1322

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP01526

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：84...749

特徴を決定した方法：E

配列

GAGCCGAGG TCTGGGCTGC AGTAGGTCCC GGCAACCGCA GGCTCGCGGC GGGCGCTGGG 60

CGCGGGATCC GACTCTAGTC GTA ATG GAG GCG GGC GGC TTT CTG GAC TCG CTC 113

Met Glu Ala Gly Gly Phe Leu Asp Ser Leu

1

5

10

ATT TAC GGA GCA TGC GTG GTC TTC ACC CTT GGC ATG TTC TCC GCC GGC 161

Ile Tyr Gly Ala Cys Val Val Phe Thr Leu Gly Met Phe Ser Ala Gly

15

20

25

CTC TCG GAC CTC AGG CAC ATG CGA ATG ACC CGG AGT GTG GAC AAC GTC 209

Leu Ser Asp Leu Arg His Met Arg Met Thr Arg Ser Val Asp Asn Val

特平 9-144948

30	35	40	
CAG TTC CTG CCC TTT CTC ACC ACG GAA GTC AAC AAC CTG GGC TGG CTG			257
Gln Phe Leu Pro Phe Leu Thr Thr Glu Val Asn Asn Leu Gly Trp Leu			
45	50	55	
AGT TAT GGG GCT TTG AAG GGA GAC GGG ATC CTC ATC GTC GTC AAC ACA			305
Ser Tyr Gly Ala Leu Lys Gly Asp Gly Ile Leu Ile Val Val Asn Thr			
60	65	70	
GTG GGT GCT GCG CTT CAG ACC CTG TAT ATC TTG GCA TAT CTG CAT TAC			353
Val Gly Ala Ala Leu Gln Thr Leu Tyr Ile Leu Ala Tyr Leu His Tyr			
75	80	85	90
TGC CCT CGG AAG CGT GTT GTG CTC CTA CAG ACT GCA ACC CTG CTA GGG			401
Cys Pro Arg Lys Arg Val Val Leu Leu Gln Thr Ala Thr Leu Leu Gly			
95	100	105	
GTC CTT CTC CTG GGT TAT GGC TAC TTT TGG CTC CTG GTA CCC AAC CCT			449
Val Leu Leu Leu Gly Tyr Gly Tyr Phe Trp Leu Leu Val Pro Asn Pro			
110	115	120	
GAG GCC CGG CTT CAG CAG TTG GGC CTC TTC TGC AGT GTC TTC ACC ATC			497
Glu Ala Arg Leu Gln Gln Leu Gly Leu Phe Cys Ser Val Phe Thr Ile			
125	130	135	
AGC ATG TAC CTC TCA CCA CTG GCT GAC TTG GCT AAG GTG ATT CAA ACT			545
Ser Met Tyr Leu Ser Pro Leu Ala Asp Leu Ala Lys Val Ile Gln Thr			
140	145	150	
AAA TCA ACC CAA TGT CTC TCC TAC CCA CTC ACC ATT GCT ACC CTT CTC			593
Lys Ser Thr Gln Cys Leu Ser Tyr Pro Leu Thr Ile Ala Thr Leu Leu			
155	160	165	170
ACC TCT GCC TCC TGG TGC CTC TAT GGG TTT CGA CTC AGA GAT CCC TAT			641
Thr Ser Ala Ser Trp Cys Leu Tyr Gly Phe Arg Leu Arg Asp Pro Tyr			
175	180	185	
ATC ATG GTG TCC AAC TTT CCA GGA ATC GTC ACC AGC TTT ATC CGC TTC			689

特平 9-144948

Ile Met Val Ser Asn Phe Pro Gly Ile Val Thr Ser Phe Ile Arg Phe	
190 195 200	
TGG CTT TTC TGG AAG TAC CCC CAG GAG CAA GAC AGG AAC TAC TGG CTC	737
Trp Leu Phe Trp Lys Tyr Pro Gln Glu Gln Asp Arg Asn Tyr Trp Leu	
205 210 215	
CTG CAA ACC TGAGGCTGCT CATCTGACCA CTGGGCACCT TAGTGCCAAC CTGA	790
Leu Gln Thr	
220	
ACCAAAGAGA CCTCCTTGTT TCAGCTGGGC CTGCTGTCCA GCTTCCCAGG TGCAGTGGGT	850
TGTGGGAACA AGAGATGACT TTGAGGATAA AAGGACCAAA GAAAAAGCTT TACTTAGATG	910
ATTGATTGGG GCCTAGGAGA TGAAATCACT TTTATTTTT TAGAGATTTT TTTTTTAAT	970
TTTGGAGGTT GGGGTGCAAT CTTTAGAATA TGCCTTAAAA GGCCGGGCGC GGTGGCTCAC	1030
GCCTGTAATC CCAGCACTTT GGGAGGCCAA GGTGGGCGGA TCGCCTGAGG TCAGGAGTTC	1090
AAGACCAACC TGACTAACAT GGTGAAACCC CATCTCTACT AAAAATACAA AATTAGCCAG	1150
GCATGATGGC ACATGCCTGT AATCCCAGAT ACTTGGGAGG CTGAGGCAGG AGAATTGCTT	1210
GAACCCAGGA GGTGGAGGTT GCAGTGAGCT GAGATCGTGC CATTGTGATA TGAATATGCC	1270
TTATATGCTG ATATGAATAT GCCTTAAAAT AAAGTGTTCC CCACCCCTGC CC	1322

【0142】

配列番号：42

配列の長さ：3045

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10230

配列の特徴

特徴を表す記号: CDS

存在位置: 191...946

特徴を決定した方法: E

配列

GTTTCGCCTC AGAAGGCTGC CTCGCTGGTC CGAATTCGGT GCGGCCACGT CCGCCCGTCT	60
CCGCCTTCTG CATCGCGGCT TCGGCGGCTT CCACCTAGAC ACCTAACAGT CGCGGAGCCG	120
GCCGCGTCGT GAGGGGGTCG GCACGGGGAG TCGGGCGGTC TTGTGCATCT TGGCTACCTG	180
TGGGTGGAAG ATG TCG GAC ATC GGA GAC TGG TTC AGG AGC ATC CCG GCG	229
Met Ser Asp Ile Gly Asp Trp Phe Arg Ser Ile Pro Ala	
1 5 10	
ATC ACG CGC TAT TGG TTC GCC GCC ACC GTC GCC GTG CCC TTG GTC GGC	277
Ile Thr Arg Tyr Trp Phe Ala Ala Thr Val Ala Val Pro Leu Val Gly	
15 20 25	
AAA CTC GGC CTC ATC AGC CCG GCC TAC CTC TTC CTC TGG CCC GAA GCC	325
Lys Leu Gly Leu Ile Ser Pro Ala Tyr Leu Phe Leu Trp Pro Glu Ala	
30 35 40 45	
TTC CTT TAT CGC TTT CAG ATT TGG AGG CCA ATC ACT GCC ACC TTT TAT	373
Phe Leu Tyr Arg Phe Gln Ile Trp Arg Pro Ile Thr Ala Thr Phe Tyr	
50 55 60	
TTC CCT GTG GGT CCA GGA ACT GGA TTT CTT TAT TTG GTC AAT TTA TAT	421
Phe Pro Val Gly Pro Gly Thr Gly Phe Leu Tyr Leu Val Asn Leu Tyr	
65 70 75	
TTC TTA TAT CAG TAT TCT ACG CGA CTT GAA ACA GGA GCT TTT GAT GGG	469
Phe Leu Tyr Gln Tyr Ser Thr Arg Leu Glu Thr Gly Ala Phe Asp Gly	
80 85 90	
AGG CCA GCA GAC TAT TTA TTC ATG CTC CTC TTT AAC TGG ATT TGC ATC	517
Arg Pro Ala Asp Tyr Leu Phe Met Leu Leu Phe Asn Trp Ile Cys Ile	
95 100 105	
GTG ATT ACT GGC TTA GCA ATG GAT ATG CAG TTG CTG ATG ATT CCT CTG	565

特平 9-144948

Val Ile Thr Gly Leu Ala Met Asp Met Gln Leu Leu Met Ile Pro Leu	
110                      115                      120                      125	
ATC ATG TCA GTA CTT TAT GTC TGG GCC CAG CTG AAC AGA GAC ATG ATT	613
Ile Met Ser Val Leu Tyr Val Trp Ala Gln Leu Asn Arg Asp Met Ile	
130                      135                      140	
GTA TCA TTT TGG TTT GGA ACA CGA TTT AAG GCC TGC TAT TTA CCC TGG	661
Val Ser Phe Trp Phe Gly Thr Arg Phe Lys Ala Cys Tyr Leu Pro Trp	
145                      150                      155	
GTT ATC CTT GGA TTC AAC TAT ATC ATC GGA GGC TCG GTA ATC AAT GAG	709
Val Ile Leu Gly Phe Asn Tyr Ile Ile Gly Gly Ser Val Ile Asn Glu	
160                      165                      170	
CTT ATT GGA AAT CTG GTT GGA CAT CTT TAT TTT TTC CTA ATG TTC AGA	757
Leu Ile Gly Asn Leu Val Gly His Leu Tyr Phe Phe Leu Met Phe Arg	
175                      180                      185	
TAC CCA ATG GAC TTG GGA GGA AGA AAT TTT CTA TCC ACA CCT CAG TTT	805
Tyr Pro Met Asp Leu Gly Gly Arg Asn Phe Leu Ser Thr Pro Gln Phe	
190                      195                      200                      205	
TTG TAC CGC TGG CTG CCC AGT AGG AGA GGA GGA GTA TCA GGA TTT GGT	853
Leu Tyr Arg Trp Leu Pro Ser Arg Arg Gly Gly Val Ser Gly Phe Gly	
210                      215                      220	
GTG CCC CCT GCT AGC ATG AGG CGA GCT GCT GAT CAG AAT GGC GGA GGC	901
Val Pro Pro Ala Ser Met Arg Arg Ala Ala Asp Gln Asn Gly Gly Gly	
225                      230                      235	
GGG AGA CAC AAC TGG GGC CAG GGC TTT CGA CTT GGA GAC CAG TGAAGGG	950
Gly Arg His Asn Trp Gly Gln Gly Phe Arg Leu Gly Asp Gln	
240                      245                      250	
GCAGCCTCGG GCAGCCGCTC CTCTCAAGCC ACATTCCTC CCAGTGCTGG GTGCGCTTAA	1010
CAACTGCGTT CTGGCTAACA CTGTTGGACC TGACCCACAC TGAATGTAGT CTTTCAGTAC	1070
GAGACAAAGT TTCTTAAATC CCGAAGAAAA ATATAAGTGT TCCACAAGTT TCACGATTCT	1130

CATTCAAGTC CTTACTGCTG TGAAGAACAA ATACCAACTG TGCAAATTGC AAAACTGACT	1190
ACATTTTTTG GTGTCTTCTC TTCTCCCCTT TCCGTCTGAA TAATGGGTTT TAGCGGGTCC	1250
TAGTCTGCTG GCATTGAGCT GGGGCTGGGT CACCAAACCC TTCCCAAAAG GACCCTTATC	1310
TCTTTCTTGC ACACATGCCT CTCTCCCCTT TTTCCCAACC CCCACATTG CAACTAGAAG	1370
AGGTTGCCCA TAAAATTGCT CTGCCCTTGA CAGGTTCTGT TATTTATTGA CTTTGGCCAA	1430
GGCTTGGTCA CAACAATCAT ATTACGTAA TTTTCCCCTT TTGGTGGCAG AACTGTAGCA	1490
ATAGGGGGAG AAGACAAGCA GCGGATGAAG CGTTTTCTCA GCTTTTGGAA TTGCTTCGAC	1550
CTGACATCCG TTGTAACCGT TTGCCACTTC TTCAGATATT TTTATAAAAA AGTACCACTG	1610
AGTCAGTGAG GGCCACAGAT TGGTATTAAT GAGATACGAG GGTGTTGCT GGGTGTGTTGT	1670
TTCCTGAGCT AAGTGATCAA GACTGTAGTG GAGTTGCAGC TAACATGGGT TAGGTTTAAA	1730
CCGTGGGGGA TGCAACCCCT TTGCGTTTCA TATGTAGGCC TACTGGCTTT GTGTAGCTGG	1790
AGTAGTTGGG TTGCTTTGTG TTAGGAGGAT CCAGATCATG TTGGCTACAG GGAGATGCTC	1850
TCTTTGAGAG GCTCCTGGGC ATTGATTCCA TTTCAATCTC ATTCTGGATA TGTGTTCAAT	1910
GAGTAAAGGA GGAGAGACCC TCATACGCTA TTTAAATGTC ACTTTTTTGC CTATCCCCCG	1970
TTTTTTGGTC ATGTTTCAAT TAATTGTGAG GAAGGCGCAG CTCCTCTCTG CACGTAGATC	2030
ATTTTTTAAA GCTAATGTAA GCACATCTAA GGGAATAACA TGATTAAAGG TTGAAATGGC	2090
TTTAGAATCA TTTGGGTTTG AGGGTGTGTT ATTTTGAGTC ATGAATGTAC AAGCTCTGTG	2150
AATCAGACCA GCTTAAATAC CCACACCTTT TTTTCGTAGG TGGGCTTTTC CTATCAGAGC	2210
TTGGCTCATA ACCAAATAAA GTTTTTTGAA GGCCATGGCT TTTCACACAG TTATTTTATT	2270
TTATGACGTT ATCTGAAAGC AGACTGTTAG GAGCAGTATT GAGTGGCTGT CACACTTTGA	2330
GGCAACTAAA AAGGCTTCAA ACGTTTTGAT CAGTTTCTTT TCAGGAAACA TTGTGCTCTA	2390
ACAGTATGAC TATTCTTTCC CCCACTCTTA AACAGTGTGA TGTGTGTTAT CCTAGGAAAT	2450
GAGAGTTGGC AAACAACCTC TCATTTTGAA TAGAGTTTGT GTGTACCTCT CCATATTTAA	2510
TTTATATGAT AAAATAGGTG GGGAGAGTCT GAACCTTAAC TGTGATGTTT TGTGTTTCAT	2570
CTGTGGCCAC AATAAAGTTT ACTTGTAATAA TTTTAGAGGC CATTACTCCA ATTATGTTGC	2630
ACGTACACTC ATTGTACAGG CGTGGAGACT CATTGTATGT ATAAGAATAT TCTGACAGTG	2690
AGTGACCCGG AGTCTCTGGT GTACCCTCTT ACCAGTCAGC TGCCTGCGAG CAGTCATTTT	2750
TTCTTAAAGG TTTACAAGTA TTTAGAACTC TTCAGTTCAG GGCAAAATGT TCATGAAGTT	2810
ATTCCTCTTA AACATGGTTA GGAAGCTGAT GACGTTATTG ATTTTGTCTG GATTATGTTT	2870

特平 9-144948

CTGGAATAAT TTTACCAAAA CAAGCTATTT GAGTTTGGAC TTGACAAGGC AAAACATGAC 2930  
 AGTGGATTCT CTTTACAAAT TGAAAAAAAA AATCCTTATT TTGTATAAAG GACTTCCCTT 2990  
 TTTGTAAACT AATCCTTTTT ATTGGTAAAA ATTGTAAATT AAAATGTGCA ACTTG 3045

【0143】

配列番号：43

配列の長さ：653

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10389

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：63...383

特徴を決定した方法：E

配列

ATGACCTTCA CCGGGAGGCT GAGGTCGGAG TCCCGATTTT CTCCTGCTGC TGTGGCCCGG 60  
 AC ATG GCG ACT CCC GGC CCT GTG ATT CCG GAG GTC CCC TTT GAA CCA 107  
 Met Ala Thr Pro Gly Pro Val Ile Pro Glu Val Pro Phe Glu Pro  
 1 5 10 15  
 TCG AAG CCT CCA GTC ATT GAG GGG CTG AGC CCC ACT GTT TAC AGG AAT 155  
 Ser Lys Pro Pro Val Ile Glu Gly Leu Ser Pro Thr Val Tyr Arg Asn  
 20 25 30  
 CCA GAG AGT TTC AAG GAA AAG TTC GTT CGC AAG ACC CGC GAG AAC CCG 203  
 Pro Glu Ser Phe Lys Glu Lys Phe Val Arg Lys Thr Arg Glu Asn Pro

特平 9-144948

35	40	45	
GTG GTA CCC ATA GGT TGC CTG GCC ACG GCG GCC GCC CTC ACC TAC GGC			251
Val Val Pro Ile Gly Cys Leu Ala Thr Ala Ala Ala Leu Thr Tyr Gly			
50	55	60	
CTC TAC TCC TTC CAC CGG GGC AAC AGC CAG CGC TCT CAG CTC ATG ATG			299
Leu Tyr Ser Phe His Arg Gly Asn Ser Gln Arg Ser Gln Leu Met Met			
65	70	75	
CGC ACC CGG ATC GCC GCC CAG GGT TTC ACG GTC GCA GCC ATC TTG CTG			347
Arg Thr Arg Ile Ala Ala Gln Gly Phe Thr Val Ala Ala Ile Leu Leu			
80	85	90	95
GGT CTG GCT GTC ACT GCT ATG AAG TCT CGA CCC TAAGCCCAGG GTCTGGCCTT			400
Gly Leu Ala Val Thr Ala Met Lys Ser Arg Pro			
100	105		
GAAAGCTCCG CAGAAATGAT TCCAAAACCC AGGGAGCAAC CACTGGCCCT ACCGTGGGAC			460
TTACTCCCTC CTCTCCTTTG AGAGGCCCAT GTGTCGCTGG GGAGGAAGTG ACCCTTTGTG			520
TAACGTGAAC CGAAAAGTTTT TTCAAAAATC CTAGATGCTG TTGTTTGAAT GTTACATACT			580
TCTATTGTG CCACATCTCC CCTCCACTCC CCTGCTTAAT AAACCTCTAAA AATCCACTTG			640
TATTTAATTC AGT			653

【0144】

配列番号：44

配列の長さ：439

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10408

配列の特徴

特徴を表す記号: CDS

存在位置: 75..311

特徴を決定した方法: E

配列

GTAGAAACAG GCCTGTTAAG GAGAGGCCAC CGGGACTTCA GTGTCTCCTC CATCCCAGGA	60
GCGCAGTGGC CACT ATG GGG TCT GGG CTG CCC CTT GTC CTC CTC TTG ACC	110
Met Gly Ser Gly Leu Pro Leu Val Leu Leu Thr	
1 5 10	
CTC CTT GGC AGC TCA CAT GGA ACA GGG CCG GGT ATG ACT TTG CAA CTG	158
Leu Leu Gly Ser Ser His Gly Thr Gly Pro Gly Met Thr Leu Gln Leu	
15 20 25	
AAG CTG AAG GAG TCT TTT CTG ACA AAT TCC TCC TAT GAG TCC AGC TTC	206
Lys Leu Lys Glu Ser Phe Leu Thr Asn Ser Ser Tyr Glu Ser Ser Phe	
30 35 40	
CTG GAA TTG CTT GAA AAG CTC TGC CTC CTC CTC CAT CTC CCT TCA GGG	254
Leu Glu Leu Leu Glu Lys Leu Cys Leu Leu Leu His Leu Pro Ser Gly	
45 50 55 60	
ACC AGC GTC ACC CTC CAC CAT GCA AGA TCT CAA CAC CAT GTT GTC TGC	302
Thr Ser Val Thr Leu His His Ala Arg Ser Gln His His Val Val Cys	
65 70 75	
AAC ACA TGACAGCCAT TGAAGCCTGT GTCCTTCTTG GCCCGGGCTT TTGGGCCGGG GA	360
Asn Thr	
TGCAGGAGGC AGGCCCCGAC CCTGTCTTTC AGCAGGCCCC CACCCTCCTG AGTGGCAATA	420
AATAAAATTC GGTATGCTG	439

【0145】

配列番号: 45

配列の長さ: 1131

特平 9-144948

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10412

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：56..1000

特徴を決定した方法：E

配列

CTATGAGATC CCGGCCTCAG GGTGGACGCA GTGGTTCTGC ACTGAGGCC TCGTC ATG	58
Met	
1	
GTG GCG CCT GTG TGG TAC TTG GTA GCG GCG GCT CTG CTA GTC GGC TTT	106
Val Ala Pro Val Trp Tyr Leu Val Ala Ala Ala Leu Leu Val Gly Phe	
5 10 15	
ATC CTC TTC CTG ACT CGC AGC CGG GGC CGG GCG GCA TCA GCC GGC CAA	154
Ile Leu Phe Leu Thr Arg Ser Arg Gly Arg Ala Ala Ser Ala Gly Gln	
20 25 30	
GAG CCA CTG CAC AAT GAG GAG CTG GCA GGA GCA GGC CGG GTG GCC CAG	202
Glu Pro Leu His Asn Glu Glu Leu Ala Gly Ala Gly Arg Val Ala Gln	
35 40 45	
CCT GGG CCC CTG GAG CCT GAG GAG CCG AGA GCT GGA GGC AGG CCT CGG	250
Pro Gly Pro Leu Glu Pro Glu Glu Pro Arg Ala Gly Gly Arg Pro Arg	
50 55 60 65	
CGC CGG AGG GAC CTG GGC AGC CGC CTA CAG GCC CAG CGT CGA GCC CAG	298

特平 9-144948

Arg Arg Arg Asp Leu Gly Ser Arg Leu Gln Ala Gln Arg Arg Ala Gln	
70 75 80	
CGG GTG GCC TGG GCA GAA GCA GAT GAG AAC GAG GAG GAA GCT GTC ATC	346
Arg Val Ala Trp Ala Glu Ala Asp Glu Asn Glu Glu Glu Ala Val Ile	
85 90 95	
CTA GCC CAG GAG GAG GAA GGT GTC GAG AAG CCA GCG GAA ACT CAC CTG	394
Leu Ala Gln Glu Glu Glu Gly Val Glu Lys Pro Ala Glu Thr His Leu	
100 105 110	
TCG GGG AAA ATT GGA GCT AAG AAA CTG CGG AAG CTG GAG GAG AAA CAA	442
Ser Gly Lys Ile Gly Ala Lys Lys Leu Arg Lys Leu Glu Glu Lys Gln	
115 120 125	
GCG CGA AAG GCC CAG CGT GAG GCA GAG GAG GCT GAA CGT GAG GAG CGG	490
Ala Arg Lys Ala Gln Arg Glu Ala Glu Glu Ala Glu Arg Glu Glu Arg	
130 135 140 145	
AAA CGA CTC GAG TCC CAG CGC GAA GCT GAG TGG AAG AAG GAG GAG GAG	538
Lys Arg Leu Glu Ser Gln Arg Glu Ala Glu Trp Lys Lys Glu Glu Glu	
150 155 160	
CGG CTT CGC CTG GAG GAG GAG CAG AAG GAG GAG GAG GAG AGG AAG GCC	586
Arg Leu Arg Leu Glu Glu Glu Gln Lys Glu Glu Glu Glu Arg Lys Ala	
165 170 175	
CGC GAG GAG CAG GCC CAG CGG GAG CAT GAG GAG TAC CTG AAA CTG AAG	634
Arg Glu Glu Gln Ala Gln Arg Glu His Glu Glu Tyr Leu Lys Leu Lys	
180 185 190	
GAG GCC TTT GTG GTG GAG GAG GAA GGC GTA GGA GAG ACC ATG ACT GAG	682
Glu Ala Phe Val Val Glu Glu Glu Gly Val Gly Glu Thr Met Thr Glu	
195 200 205	
GAA CAG TCC CAG AGC TTC CTG ACA GAG TTC ATC AAC TAC ATC AAG CAG	730
Glu Gln Ser Gln Ser Phe Leu Thr Glu Phe Ile Asn Tyr Ile Lys Gln	
210 215 220 225	

特平 9-144948

TCC AAG GTT GTG CTC TTG GAA GAC CTG GCT TCC CAG GTG GGC CTA CGC	778
Ser Lys Val Val Leu Leu Glu Asp Leu Ala Ser Gln Val Gly Leu Arg	
230 235 240	
ACT CAG GAC ACC ATA AAT CGC ATC CAG GAC CTG CTG GCT GAG GGG ACT	826
Thr Gln Asp Thr Ile Asn Arg Ile Gln Asp Leu Leu Ala Glu Gly Thr	
245 250 255	
ATA ACA GGT GTG ATT GAC GAC CGG GGC AAG TTC ATC TAC ATA ACC CCA	874
Ile Thr Gly Val Ile Asp Asp Arg Gly Lys Phe Ile Tyr Ile Thr Pro	
260 265 270	
GAG GAA CTG GCC GCC GTG GCC AAC TTC ATC CGA CAG CGG GGC CGG GTG	922
Glu Glu Leu Ala Ala Val Ala Asn Phe Ile Arg Gln Arg Gly Arg Val	
275 280 285	
TCC ATC GCC GAG CTT GCC CAA GCC AGC AAC TCC CTC ATC GCC TGG GGC	970
Ser Ile Ala Glu Leu Ala Gln Ala Ser Asn Ser Leu Ile Ala Trp Gly	
290 295 300 305	
CGG GAG TCC CCT GCC CAA GCC CCA GCC TGACCCAGT CCTTCCCTCT TGG	1020
Arg Glu Ser Pro Ala Gln Ala Pro Ala	
310	
ACTCAGAGTT GGTGTGGCCT ACCTGGCTAT ACATCTTCAT CCCTCCCCAC CATCCTGGGG	1080
AAGTGATGGT GTGGCCAGGC AGTTATAGAT TAAAGGCCTG TGAGTACTGC T	1131

【0146】

配列番号：46

配列の長さ：1875

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10413

配列の特徴

特徴を表す記号： CDS

存在位置： 79...666

特徴を決定した方法：E

配列

CTCGCTCGCT CAGAGGGAGG AGAAAGTGGC GAGTTCCGGA TCCCTGCCTA GCGCGGCCCA	60
ACCTTTACTC CAGAGATC ATG GCT GCC GAG GAT GTG GTG GCG ACT GGC GCC	111
Met Ala Ala Glu Asp Val Val Ala Thr Gly Ala	
1 5 10	
GAC CCA AGC GAT CTG GAG AGC GGC GGG CTG CTG CAT GAG ATT TTC ACG	159
Asp Pro Ser Asp Leu Glu Ser Gly Gly Leu Leu His Glu Ile Phe Thr	
15 20 25	
TCG CCG CTC AAC CTG CTG CTG CTT GGC CTC TGC ATC TTC CTG CTC TAC	207
Ser Pro Leu Asn Leu Leu Leu Leu Gly Leu Cys Ile Phe Leu Leu Tyr	
30 35 40	
AAG ATC GTG CGC GGC GAC CAG CCG GCG GCC AGC GGC GAC AGC GAC GAC	255
Lys Ile Val Arg Gly Asp Gln Pro Ala Ala Ser Gly Asp Ser Asp Asp	
45 50 55	
GAC GAG CCG CCC CCT CTG CCC CGC CTC AAG CGG CGC GAC TTC ACC CCC	303
Asp Glu Pro Pro Pro Leu Pro Arg Leu Lys Arg Arg Asp Phe Thr Pro	
60 65 70 75	
GCC GAG CTG CGG CGC TTC GAC GGC GTC CAG GAC CCG CGC ATA CTC ATG	351
Ala Glu Leu Arg Arg Phe Asp Gly Val Gln Asp Pro Arg Ile Leu Met	
80 85 90	
GCC ATC AAC GGC AAG GTG TTC GAT GTG ACC AAA GGC CGC AAA TTC TAC	399
Ala Ile Asn Gly Lys Val Phe Asp Val Thr Lys Gly Arg Lys Phe Tyr	
95 100 105	

GGG CCC GAG GGG CCG TAT GGG GTC TTT GCT GGA AGA GAT GCA TCC AGG	447
Gly Pro Glu Gly Pro Tyr Gly Val Phe Ala Gly Arg Asp Ala Ser Arg	
110 115 120	
GGC CTT GCC ACA TTT TGC CTG GAT AAG GAA GCA CTG AAG GAT GAG TAC	495
Gly Leu Ala Thr Phe Cys Leu Asp Lys Glu Ala Leu Lys Asp Glu Tyr	
125 130 135	
GAT GAC CTT TCT GAC CTC ACT GCT GCC CAG CAG GAG ACT CTG ACT GAC	543
Asp Asp Leu Ser Asp Leu Thr Ala Ala Gln Gln Glu Thr Leu Ser Asp	
140 145 150 155	
TGG GAG TCT CAG TTC ACT TTC AAG TAT CAT CAC GTG GGC AAA CTG CTG	591
Trp Glu Ser Gln Phe Thr Phe Lys Tyr His His Val Gly Lys Leu Leu	
160 165 170	
AAG GAG GGG GAG GAG CCC ACT GTG TAC TCA GAT GAG GAA GAA CCA AAA	639
Lys Glu Gly Glu Glu Pro Thr Val Tyr Ser Asp Glu Glu Glu Pro Lys	
175 180 185	
GAT GAG AGT GCC CGG AAA AAT GAT TAAAGCATTG AGTGAAGTA TATCTAT	690
Asp Glu Ser Ala Arg Lys Asn Asp	
190 195	
TTTTGTATTT TGCAAAATCA TTTGTAACAG TCCACTCTGT CTTTAAACAA TAGTGATTAC	750
AATATTTAGA AAGTTTTGAG CACTTGCTAT AAGTTTTTTA TAACATCACT AGTGACACTA	810
ATAAAATTA CTCTTAGAA TGCATGATGT GTTTGTGTGT CACAAATCCA GAAAGTGAAC	870
TGCAGTGCTG TAATACACAT GTTAATACTG TTTTCTTCT ATCTGTAGTT AGTACAGGAT	930
GAATTTAAAT GTGTTTTTCC TGAGAGACAA GGAAGACTTG GGTATTTCCC AAAACAGGTA	990
AAAACTTAA ATGTGCACCA AGAGCAAAGG ATCAACTTTT AGTCATGATG TTCTGTAAAG	1050
ACAACAAATC CCTTTTTTTT TCTCAATTGA CTAACTGCA TGATTTCTGT TTTATCTACC	1110
TCTAAAGCAA ATCTGCAGTG TTCCAAAGAC TTTGGTATGG ATTAAGCGCT GTCCAGTAAC	1170
AAAAATGAAAT CTCAAAACAG AGCTCAGCTG CAAAAAGCA TATTTTCTGT GTTTCTGGAC	1230
TGCACTGTTG TCCTTGCCCT CACATAGACA CTCAGACACC CTCACAAACA CAGTAGTCTA	1290
TAGTTAGGAT TAAAATAGGA TCTGAACATT CAAAAGAAAG CTTTGAAAAA AAAGAGCTGG	1350

CTGGCCTAAA AACCTAAATA TATGATGAAG ATTGTAGGAC TGTCTTCCCA AGCCCCATGT 1410  
 TCATGGTGGG GCAATGGTTA TTTGGTTATT TTAACAATT GGTTACTCTC ATTTGAAATG 1470  
 AGGGAGGGAC ATACAGAATA GGAACAGGTG TTTGCTCTCC TAAGAGCCTT CATGCACACC 1530  
 CCTGAACCAC GAGGAAACAG TACAGTCGCT AGTCAAGTGG TTTTAAAAGT AAAGTATATT 1590  
 CATAAGGTAA CAGTTATTCT GTTGTATAA AACTATACCC ACTGCAAAAG TAGTAGTCAA 1650  
 GTGTCTAGGT CTTTGATATT GCTCTTTTGG TTAACACTAA GCTTAAGTAG ACTATACAGT 1710  
 TGTATGAATT TGTAAAAGTA TATGAACACC TAGTGAGATT TCAAACCTGT AATTGTGGTT 1770  
 AAATAGTCAT TGTATTTTCT TGTGAACTGT GTTTTATGAT TTTACCTCAA ATCAGAAAAC 1830  
 AAAATGATGT GCTTTGGTCA GTTAATAAAA ATGGTTTAC CCACT 1875

【0147】

配列番号：47

配列の長さ：1563

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10415

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：72..1460

特徴を決定した方法：E

配列

AAATTGGGCC AGGCTGAGGC GCTGCTGCTG GAGCGGCCGA TCCGAGACGT GGCTCCCTGG 60  
 GCGGCAGAAC C ATG TTG GAC TTC GCG ATC TTC GCC GTT ACC TTC TTG CTG 110

Met Leu Asp Phe Ala Ile Phe Ala Val Thr Phe Leu Leu

1

5

10

GCG TTG GTG GGA GCC GTG CTC TAC CTC TAT CCG GCT TCC AGA CAA GCT	158
Ala Leu Val Gly Ala Val Leu Tyr Leu Tyr Pro Ala Ser Arg Gln Ala	
15 20 25	
GCA GGA ATT CCA GGG ATT ACT CCA ACT GAA GAA AAA GAT GGT AAT CTT	206
Ala Gly Ile Pro Gly Ile Thr Pro Thr Glu Glu Lys Asp Gly Asn Leu	
30 35 40 45	
CCA GAT ATT GTG AAT AGT GGA AGT TTG CAT GAG TTC CTG GTT AAT TTG	254
Pro Asp Ile Val Asn Ser Gly Ser Leu His Glu Phe Leu Val Asn Leu	
50 55 60	
CAT GAG AGA TAT GGG CCT GTG GTC TCC TTC TGG TTT GGC AGG CGC CTC	302
His Glu Arg Tyr Gly Pro Val Val Ser Phe Trp Phe Gly Arg Arg Leu	
65 70 75	
GTG GTT AGT TTG GGC ACT GTT GAT GTA CTG AAG CAG CAT ATC AAT CCC	350
Val Val Ser Leu Gly Thr Val Asp Val Leu Lys Gln His Ile Asn Pro	
80 85 90	
AAT AAG ACA TTG GAC CCT TTT GAA ACC ATG CTG AAG TCA TTA TTA AGG	398
Asn Lys Thr Leu Asp Pro Phe Glu Thr Met Leu Lys Ser Leu Leu Arg	
95 100 105	
TAT CAA TCT GGT GGT GGC AGT GTG AGT GAA AAC CAC ATG AGG AAA AAA	446
Tyr Gln Ser Gly Gly Gly Ser Val Ser Glu Asn His Met Arg Lys Lys	
110 115 120 125	
TTG TAT GAA AAT GGT GTG ACT GAT TCT CTG AAG AGT AAC TTT GCC CTC	494
Leu Tyr Glu Asn Gly Val Thr Asp Ser Leu Lys Ser Asn Phe Ala Leu	
130 135 140	
CTC CTA AAG CTT TCA GAA GAA TTA TTA GAT AAA TGG CTC TCC TAC CCA	542
Leu Leu Lys Leu Ser Glu Glu Leu Leu Asp Lys Trp Leu Ser Tyr Pro	
145 150 155	
GAG ACC CAG CAC GTG CCC CTC AGC CAG CAT ATG CTT GGT TTT GCT ATG	590
Glu Thr Gln His Val Pro Leu Ser Gln His Met Leu Gly Phe Ala Met	

特平 9-144948

160	165	170	
AAG TCT GTT ACA CAG ATG GTA ATG GGT AGT ACA TTT GAA GAT GAT CAG			638
Lys Ser Val Thr Gln Met Val Met Gly Ser Thr Phe Glu Asp Asp Gln			
175	180	185	
GAA GTC ATT CGC TTC CAG AAG AAT CAT GGC ACA GTT TGG TCT GAG ATT			686
Glu Val Ile Arg Phe Gln Lys Asn His Gly Thr Val Trp Ser Glu Ile			
190	195	200	205
GGA AAA GGC TTT CTA GAT GGG TCA CTT GAT AAA AAC ATG ACT CGG AAA			734
Gly Lys Gly Phe Leu Asp Gly Ser Leu Asp Lys Asn Met Thr Arg Lys			
210	215	220	
AAA CAA TAT GAA GAT GCC CTC ATG CAA CTG GAG TCT GTT TTA AGG AAC			782
Lys Gln Tyr Glu Asp Ala Leu Met Gln Leu Glu Ser Val Leu Arg Asn			
225	230	235	
ATC ATA AAA GAA CGA AAA GGA AGG AAC TTC AGT CAA CAT ATT TTC ATT			830
Ile Ile Lys Glu Arg Lys Gly Arg Asn Phe Ser Gln His Ile Phe Ile			
240	245	250	
GAC TCC TTA GTA CAA GGG AAC CTT AAT GAC CAA CAG ATC CTA GAA GAC			878
Asp Ser Leu Val Gln Gly Asn Leu Asn Asp Gln Gln Ile Leu Glu Asp			
255	260	265	
AGT ATG ATA TTT TCT CTG GCC AGT TGC ATA ATA ACT GCA AAA TTG TGT			926
Ser Met Ile Phe Ser Leu Ala Ser Cys Ile Ile Thr Ala Lys Leu Cys			
270	275	280	285
ACC TGG GCA ATC TGT TTT TTA ACC ACC TCT GAA GAA GTT CAA AAA AAA			974
Thr Trp Ala Ile Cys Phe Leu Thr Thr Ser Glu Glu Val Gln Lys Lys			
290	295	300	
TTA TAT GAA GAG ATA AAC CAA GTT TTT GGA AAT GGT CCT GTT ACT CCA			1022
Leu Tyr Glu Glu Ile Asn Gln Val Phe Gly Asn Gly Pro Val Thr Pro			
305	310	315	
GAG AAA ATT GAG CAG CTC AGA TAT TGT CAG CAT GTG CTT TGT GAA ACT			1070

特平 9-144948

Glu Lys Ile Glu Gln Leu Arg Tyr Cys Gln His Val Leu Cys Glu Thr	
320 325 330	
GTT CGA ACT GCC AAA CTG ACT CCA GTT TCT GCC CAG CTT CAA GAT ATT	1118
Val Arg Thr Ala Lys Leu Thr Pro Val Ser Ala Gln Leu Gln Asp Ile	
335 340 345	
GAA GGA AAA ATT GAC CGA TTT ATT ATT CCT AGA GAG ACC CTC GTC CTT	1166
Glu Gly Lys Ile Asp Arg Phe Ile Ile Pro Arg Glu Thr Leu Val Leu	
350 355 360 365	
TAT GCC CTT GGT GTG GTA CTT CAG GAT CCT AAT ACT TGG CCA TCT CCA	1214
Tyr Ala Leu Gly Val Val Leu Gln Asp Pro Asn Thr Trp Pro Ser Pro	
370 375 380	
CAC AAG TTT GAT CCA GAT CGG TTT GAT GAT GAA TTA GTA ATG AAA ACT	1262
His Lys Phe Asp Pro Asp Arg Phe Asp Asp Glu Leu Val Met Lys Thr	
385 390 395	
TTT TCC TCA CTT GGA TTC TCA GGC ACA CAG GAG TGT CCA GAG TTG AGG	1310
Phe Ser Ser Leu Gly Phe Ser Gly Thr Gln Glu Cys Pro Glu Leu Arg	
400 405 410	
TTT GCA TAT ATG GTG ACC ACA GTA CTT CTT AGT GTA TTG GTG AAG AGA	1358
Phe Ala Tyr Met Val Thr Thr Val Leu Leu Ser Val Leu Val Lys Arg	
415 420 425	
CTG CAC CTA CTT TCT GTG GAG GGA CAG GTT ATT GAA ACA AAG TAT GAA	1406
Leu His Leu Leu Ser Val Glu Gly Gln Val Ile Glu Thr Lys Tyr Glu	
430 435 440 445	
CTG GTA ACA TCA TCA AGG GAA GAA GCT TGG ATC ACT GTC TCA AAG AGA	1454
Leu Val Thr Ser Ser Arg Glu Glu Ala Trp Ile Thr Val Ser Lys Arg	
450 455 460	
TAT TAAAATTTTA TACATTTAAA ATCATTGTGA AATTGATTGA GGAAAACAAC CAT	1510
Tyr	

TTAAAAAAAA TCTATGTTGA ATCCTTTTAT AAACCAGTAT CACTTTGTAA TAT 1563

【0148】

配列番号：48

配列の長さ：2030

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10419

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：171..914

特徴を決定した方法：E

配列

CATTGGGGT TTCGGTTCCC CCCCTTCCCC TTCCCCGGGG TCTGGGGGTG ACATTGCACC 60

GCGCCCCTCG TGGGGTCGCG TTGCCACCCC ACGCGGACTC CCCAGCTGGC GCGCCCCTCC 120

CATTGCCTG TCCTGGTCAG GCCCCACCC CCCTTCCCAC CTGACCAGCC ATG GGG 176

Met Gly

1

GCT GCG GTG TTT TTC GGC TGC ACT TTC GTC GCG TTC GGC CCG GCC TTC 224

Ala Ala Val Phe Phe Gly Cys Thr Phe Val Ala Phe Gly Pro Ala Phe

5

10

15

GCG CTT TTC TTG ATC ACT GTG GCT GGG GAC CCG CTT CGC GTT ATC ATC 272

Ala Leu Phe Leu Ile Thr Val Ala Gly Asp Pro Leu Arg Val Ile Ile

20

25

30

CTG GTC GCA GGG GCA TTT TTC TGG CTG GTC TCC CTG CTC CTG GCC TCT 320

特平 9-144948

Leu Val Ala Gly Ala Phe Phe Trp Leu Val Ser Leu Leu Leu Ala Ser	
35                                      40                                      45                                      50	
GTG GTC TGG TTC ATC TTG GTC CAT GTG ACC GAC CGG TCA GAT GCC CGG	368
Val Val Trp Phe Ile Leu Val His Val Thr Asp Arg Ser Asp Ala Arg	
55                                      60                                      65	
CTC CAG TAC GGC CTC CTG ATT TTT GGT GCT GCT GTC TCT GTC CTT CTA	416
Leu Gln Tyr Gly Leu Leu Ile Phe Gly Ala Ala Val Ser Val Leu Leu	
70                                      75                                      80	
CAG GAG GTG TTC CGC TTT GCC TAC TAC AAG CTG CTT AAG AAG GCA GAT	464
Gln Glu Val Phe Arg Phe Ala Tyr Tyr Lys Leu Leu Lys Lys Ala Asp	
85                                      90                                      95	
GAG GGG TTA GCA TCG CTG AGT GAG GAC GGA AGA TCA CCC ATC TCC ATC	512
Glu Gly Leu Ala Ser Leu Ser Glu Asp Gly Arg Ser Pro Ile Ser Ile	
100                                      105                                      110	
CGC CAG ATG GCC TAT GTT TCT GGT CTC TCC TTC GGT ATC ATC AGT GGT	560
Arg Gln Met Ala Tyr Val Ser Gly Leu Ser Phe Gly Ile Ile Ser Gly	
115                                      120                                      125                                      130	
GTC TTC TCT GTT ATC AAT ATT TTG GCT GAT GCA CTT GGG CCA GGT GTG	608
Val Phe Ser Val Ile Asn Ile Leu Ala Asp Ala Leu Gly Pro Gly Val	
135                                      140                                      145	
GTT GGG ATC CAT GGA GAC TCA CCC TAT TAC TTC CTG ACT TCA GCC TTT	656
Val Gly Ile His Gly Asp Ser Pro Tyr Tyr Phe Leu Thr Ser Ala Phe	
150                                      155                                      160	
CTG ACA GCA GCC ATT ATC CTG CTC CAT ACC TTT TGG GGA GTT GTG TTC	704
Leu Thr Ala Ala Ile Ile Leu Leu His Thr Phe Trp Gly Val Val Phe	
165                                      170                                      175	
TTT GAT GCC TGT GAG AGG AGA CGG TAC TGG GCT TTG GGC CTG GTG GTT	752
Phe Asp Ala Cys Glu Arg Arg Arg Tyr Trp Ala Leu Gly Leu Val Val	
180                                      185                                      190	

GGG AGT CAC CTA CTG ACA TCG GGA CTG ACA TTC CTG AAC CCC TGG TAT	800
Gly Ser His Leu Leu Thr Ser Gly Leu Thr Phe Leu Asn Pro Trp Tyr	
195                      200                      205                      210	
GAG GCC AGC CTG CTG CCC ATC TAT GCA GTC ACT GTT TCC ATG GGG CTC	848
Glu Ala Ser Leu Leu Pro Ile Tyr Ala Val Thr Val Ser Met Gly Leu	
215                      220                      225	
TGG GCC TTC ATC ACA GCT GGA GGG TCC CTC CGA AGT ATT CAG CGC AGC	896
Trp Ala Phe Ile Thr Ala Gly Gly Ser Leu Arg Ser Ile Gln Arg Ser	
230                      235                      240	
CTC TTG TGT AAG GAC TGA CTACCTG GACTGATCGC CTGACAGATC CCACCTGCC	950
Leu Leu Cys Lys Asp	
245	
TGTCCACTGC CCATGACTGA GCCCAGCCCC AGCCCGGGTC CATTGCCCAC ATTCTCTGTC	1010
TCCTTCTCGT CGGTCTACCC CACTACCTCC AGGGTTTTGC TTTGTCTTTT TGTGACCGTT	1070
AGTCTCTAAG CTTTACCAGG AGCAGCCTGG GTTCAGCCAG TCAGTGA CTG GTGGGTTGA	1130
ATCTGCACTT ATCCCCACCA CCTGGGGACC CCCTTGTTGT GTCCAGGACT CCCCCTGTGT	1190
CAGTGCTCTG CTCTCACCCT GCCCAAGACT CACCTCCCTT CCCCTCTGCA GGCCGACGGC	1250
AGGAGGACAG TCGGGTGATG GTGTATTCTG CCCTGCGCAT CCCACCCGAG GACTGAGGGA	1310
ACCTAGGGGG GACCCCTGGG CCTGGGGTGC CCTCCTGATG TCCTCGCCCT GTATTTCTCC	1370
ATCTCCAGTT CTGGACAGTG CAGGTTGCCA AGAAAAGGGA CCTAGTTTAG CCATTGCCCT	1430
GGAGATGAAA TTAATGGAGG CTCAAGGATA GATGAGCTCT GAGTTTCTCA GTACTCCCTC	1490
AAGACTGGAC ATCTTGGTCT TTTTCTCAGG CCTGAGGGGG AACCATTTTT GGTGTGATAA	1550
ATACCCTAAA CTGCCTTTTT TTCTTTTTTG AGGTGGGGGG AGGGAGGAGG TATATTGAA	1610
CTCTTCTAAC CTCCTTGGGC TATATTTTCT CTCCTCGAGT TGCTCCTCAT GGCTGGGCTC	1670
ATTCGGTCC CTTTCTCCTT GGTCCCAGAC CTGGGGGAA AGGAAGGAAG TGCATGTTG	1730
GGAAGTGGCA TTAAGTGGAA TAATGGTTTT AACCTCCTTA ACCACCAGCA TCCCTCCTCT	1790
CCCCAAGGTG AAGTGGAGGG TGCTGTGGTG AGCTGGCCAC TCCAGAGCTG CAGTGCCACT	1850
GGAGGAGTCA GACTACCATG ACATCGTAGG GAAGGAGGGG AGATTTTTTT GTAGTTTTTA	1910
ATTGGGGTGT GGGAGGGGCG GGGAGGTTTT CTATAAACTG TATCATTTTC TGCTGAGGGT	1970

特平 9-144948

GGAGTGTCCTC ATCCTTTTAA TCAAGGTGAT TGTGATTTTG ACTAATAAAA AAGAATTTGT 2030

【0149】

配列番号：49

配列の長さ：493

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10424

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：98..439

特徴を決定した方法：E

配列

AAAGTTTCCC AAATCCAGGC GGCTAGAGGC CCACTGCTTC CCAACTACCA GCTGAGGGGG 60

TCCGTCCCGA GAAGGGAGAA GAGGCCGAAG AGGAAAC ATG AAC TTC TAT TTA CTC 115

Met Asn Phe Tyr Leu Leu

1

5

CTA GCG AGC AGC ATT CTG TGT GCC TTG ATT GTC TTC TGG AAA TAT CGC 163

Leu Ala Ser Ser Ile Leu Cys Ala Leu Ile Val Phe Trp Lys Tyr Arg

10

15

20

CGC TTT CAG AGA AAC ACT GGC GAA ATG TCA TCA AAT TCA ACT GCT CTT 211

Arg Phe Gln Arg Asn Thr Gly Glu Met Ser Ser Asn Ser Thr Ala Leu

25

30

35

GCA CTA GTG AGA CCC TCT TCT TCT GGG TTA ATT AAC AGC AAT ACA GAC 259

Ala Leu Val Arg Pro Ser Ser Ser Gly Leu Ile Asn Ser Asn Thr Asp

特平 9-144948

40	45	50	
AAC AAT CTT GCA GTC TAC GAC CTC TCT CGG GAT ATT TTA AAT AAT TTC			307
Asn Asn Leu Ala Val Tyr Asp Leu Ser Arg Asp Ile Leu Asn Asn Phe			
55	60	65	70
CCA CAC TCA ATA GCC AGG CAG AAG CGA ATA TTG GTA AAC CTC AGT ATG			355
Pro His Ser Ile Ala Arg Gln Lys Arg Ile Leu Val Asn Leu Ser Met			
75	80	85	
GTG GAA AAC AAG CTG GTT GAA CTG GAA CAT ACT CTA CTT AGC AAG GGT			403
Val Glu Asn Lys Leu Val Glu Leu Glu His Thr Leu Leu Ser Lys Gly			
90	95	100	
TTC AGA GGT GCA TCA CCT CAC CGG AAA TCC ACC TAAAAGCGTA CAGG			450
Phe Arg Gly Ala Ser Pro His Arg Lys Ser Thr			
105	110		
ATGTAATGCC AGTGGTGGAA ATCATTAAAG ACACTTTGA GTAG			493

【0150】

配列番号：50

配列の長さ：2044

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10428

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：288..1385

特徴を決定した方法：E

配列

AGATTCCGGC CTGGAGCTCC CAGGGCCGAG CAGACCTTGG GACCTGTGAG CGCTGCATCC	60
AATTAACCAT GGGAAGGGTC AGCACCAGCC ACCAGCCCCT TAGGTGAGGA CTCTGCCTGG	120
GGCTCTGCTG ATGGTTCCGA ATCATGGAGC TGCAGAGAGC TCCTCCAGCC TGGAGACGTT	180
CTTGGTGAAA GCTGTGGTCT AACTCCACCG GCTCTTCCTG CACATTGTAT TCAAGAGGGG	240
TGCCTGCCCC CGCTGACTCA GGAGCTCCGG TGCTGCAGCC GCCACGA ATG GGG AGG	296
Met Gly Arg	
1	
TGG GCC CTC GAT GTG GCC TTT TTG TGG AAG GCG GTG TTG ACC CTG GGG	344
Trp Ala Leu Asp Val Ala Phe Leu Trp Lys Ala Val Leu Thr Leu Gly	
5 10 15	
CTG GTG CTT CTC TAC TAC TGC TTC TCC ATC GGC ATC ACC TTC TAC AAC	392
Leu Val Leu Leu Tyr Tyr Cys Phe Ser Ile Gly Ile Thr Phe Tyr Asn	
20 25 30 35	
AAG TGG CTG ACA AAG AGC TTC CAT TTC CCC CTC TTC ATG ACG ATG CTG	440
Lys Trp Leu Thr Lys Ser Phe His Phe Pro Leu Phe Met Thr Met Leu	
40 45 50	
CAC CTG GCC GTG ATC TTC CTC TTC TCC GCC CTG TCC AGG GCG CTG GTT	488
His Leu Ala Val Ile Phe Leu Phe Ser Ala Leu Ser Arg Ala Leu Val	
55 60 65	
CAG TGC TCC AGC CAC AGG GCC CGT GTG GTG CTG AGC TGG GCC GAC TAC	536
Gln Cys Ser Ser His Arg Ala Arg Val Val Leu Ser Trp Ala Asp Tyr	
70 75 80	
CTC AGA AGA GTG GCT CCC ACA GCT CTG GCG ACG GCG CTT GAC GTG GGC	584
Leu Arg Arg Val Ala Pro Thr Ala Leu Ala Thr Ala Leu Asp Val Gly	
85 90 95	
TTG TCC AAC TGG AGC TTC CTG TAT GTC ACC GTC TCG CTG TAC ACA ATG	632
Leu Ser Asn Trp Ser Phe Leu Tyr Val Thr Val Ser Leu Tyr Thr Met	

特平 9-144948

100	105	110	115	
ACC AAA TCC TCA GCT GTC CTC TTC ATC TTG ATC TTC TCT CTG ATC TTC				680
Thr Lys Ser Ser Ala Val Leu Phe Ile Leu Ile Phe Ser Leu Ile Phe				
	120	125	130	
AAG CTG GAG GAG CTG CGC GCG GCA CTG GTC CTG GTG GTC CTC CTC ATC				728
Lys Leu Glu Glu Leu Arg Ala Ala Leu Val Leu Val Val Leu Leu Ile				
	135	140	145	
GCC GGG GGT CTC TTC ATG TTC ACC TAC AAG TCC ACA CAG TTC AAC GTG				776
Ala Gly Gly Leu Phe Met Phe Thr Tyr Lys Ser Thr Gln Phe Asn Val				
	150	155	160	
GAG GGC TTC GCC TTG GTG CTG GGG GCC TCG TTC ATC GGT GGC ATT CGC				824
Glu Gly Phe Ala Leu Val Leu Gly Ala Ser Phe Ile Gly Gly Ile Arg				
	165	170	175	
TGG ACC CTC ACC CAG ATG CTC CTG CAG AAG GCT GAA CTC GGC CTC CAG				872
Trp Thr Leu Thr Gln Met Leu Leu Gln Lys Ala Glu Leu Gly Leu Gln				
180	185	190	195	
AAT CCC ATC GAC ACC ATG TTC CAC CTG CAG CCA CTC ATG TTC CTG GGG				920
Asn Pro Ile Asp Thr Met Phe His Leu Gln Pro Leu Met Phe Leu Gly				
	200	205	210	
CTC TTC CCT CTC TTT GCT GTA TTT GAA GGT CTC CAT TTG TCC ACA TCT				968
Leu Phe Pro Leu Phe Ala Val Phe Glu Gly Leu His Leu Ser Thr Ser				
	215	220	225	
GAG AAA ATC TTC CGT TTC CAG GAC ACA GGG CTG CTC CTG CGG GTA CTT				1016
Glu Lys Ile Phe Arg Phe Gln Asp Thr Gly Leu Leu Leu Arg Val Leu				
	230	235	240	
GGG AGC CTC TTC CTT GGC GGG ATT CTC GCC TTT GGT TTG GGC TTC TCT				1064
Gly Ser Leu Phe Leu Gly Gly Ile Leu Ala Phe Gly Leu Gly Phe Ser				
	245	250	255	
GAG TTC CTC CTG GTC TCC AGA ACC TCC AGC CTC ACT CTC TCC ATT GCC				1112

特平 9-144948

Glu Phe Leu Leu Val Ser Arg Thr Ser Ser Leu Thr Leu Ser Ile Ala	
260	265
270	275
GGC ATT TTT AAG GAA GTC TGC ACT TTG CTG TTG GCA GCT CAT CTG CTG	1160
Gly Ile Phe Lys Glu Val Cys Thr Leu Leu Leu Ala Ala His Leu Leu	
280	285
290	
GGC GAT CAG ATC AGC CTC CTG AAC TGG CTG GGC TTC GCC CTC TGC CTC	1208
Gly Asp Gln Ile Ser Leu Leu Asn Trp Leu Gly Phe Ala Leu Cys Leu	
295	300
305	
TCG GGA ATA TCC CTC CAC GTT GCC CTC AAA GCC CTG CAT TCC AGA GGT	1256
Ser Gly Ile Ser Leu His Val Ala Leu Lys Ala Leu His Ser Arg Gly	
310	315
320	
GAT GGT GGC CCC AAG GCC TTG AAG GGG CTG GGC TCC AGC CCC GAC CTG	1304
Asp Gly Gly Pro Lys Ala Leu Lys Gly Leu Gly Ser Ser Pro Asp Leu	
325	330
335	
GAG CTG CTG CTC CGG AGC AGC CAG CGG GAG GAA GGT GAC AAT GAG GAG	1352
Glu Leu Leu Leu Arg Ser Ser Gln Arg Glu Glu Gly Asp Asn Glu Glu	
340	345
350	355
GAG GAG TAC TTT GTG GCC CAG GGG CAG CAG TGACCAGCCA GGGCAAAT	1400
Glu Glu Tyr Phe Val Ala Gln Gly Gln Gln	
360	365
GGCTTAGAAG CAGGCCACTC CCCAGCCTGC TGCCAGCACT CACTGTGCTC AAGCCGCCAG	1460
GGCTCATCAT GGTAGCTGGG AGCTGTGGAC GGGAGTCACC AGGTGGTGGG GCCAAGCCAG	1520
GGAATCATGA CTTTTGCCCC TCCCTTCAGA GCCTGGTCAC ACAAGGGGCG AGCACCAGGC	1580
CAGCCTGGGA CTGGCCAGAG CTGGGCCCAA GCTGCGCTGG AATCGCAGCA GGAGAGGGGA	1640
GTGGGCTGGT TCTTCCCACC ACTTCCCAGG CTCTGACAGC CGAGACTCAT TTCCAAGGCA	1700
CAGCAGCTTT CTAAAGGGAC TGAGTTTGGA CTGGGTTTGG GACCTCCAGG GGCTGGAGCT	1760
TCATCACCTG GGCAGTGTCT TTTCTCAGAG AGCAGGTTTC TTTATAGTTT GGAAATAAAT	1820
GGTTCACGGT CCACTGGCCG CCTTGTGTTG CTGGAGACGT GGGGGCAGGG AGGGGACAGT	1880
GTGGGCCTGG CCTCTCCTTT CCTTCCCTG CCTGGAGCCT TCTTCAAATG TCTGGTCTTA	1940

特平 9-144948

AGCCAGGCCT CCTTCATTTT CTCGCTCCTG TTAGAACACC AGTCCCCTCC CCAGTGGGGC 2000

CCCACTGCAC CTGCTGGCAG GAAATAAATG AATGTTTACT GAGT 2044

【0151】

配列番号：51

配列の長さ：1043

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10429

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：157..837

特徴を決定した方法：E

配列

ATTAGCATAA CCCTTCCTCA GGAAGAGTGA GATTTTATAT TTGACAATAA AGTGTTAGAC 60

TCCATTTCTA AATACCAGAC TTCAAAAGAT AAGGTTCAAA AGTGTATAA GAAGATATTC 120

CTTTTTTTGT CCTAGAGAAC TTATTTTCCT GTGAAA ATG CCT ACC ACA AAG AAG 174

Met Pro Thr Thr Lys Lys ,

1

5

ACA TTG ATG TTC TTA TCA AGC TTT TTC ACC AGC CTT GGG TCC TTC ATT 222

Thr Leu Met Phe Leu Ser Ser Phe Phe Thr Ser Leu Gly Ser Phe Ile

10

15

20

GTA ATT TGC TCT ATT CTT GGG ACA CAA GCA TGG ATC ACC AGT ACA ATT 270

Val Ile Cys Ser Ile Leu Gly Thr Gln Ala Trp Ile Thr Ser Thr Ile

25

30

35

特平 9-144948

GCT GTT AGA GAC TCT GCT TCA AAT GGG AGC ATT TTC ATC ACT TAC GGA	318
Ala Val Arg Asp Ser Ala Ser Asn Gly Ser Ile Phe Ile Thr Tyr Gly	
40 45 50	
CTT TTT CGT GGG GAG AGT AGT GAA GAA TTG AGT CAC GGA CTT GCA GAA	366
Leu Phe Arg Gly Glu Ser Ser Glu Glu Leu Ser His Gly Leu Ala Glu	
55 60 65 70	
CCA AAG AAA AAG TTT GCA GTT TTA GAG ATA CTG AAT AAT TCT TCC CAA	414
Pro Lys Lys Lys Phe Ala Val Leu Glu Ile Leu Asn Asn Ser Ser Gln	
75 80 85	
AAA ACT CTG CAT TCG GTG ACT ATC CTG TTC CTG GTC CTG AGT TTG ATC	462
Lys Thr Leu His Ser Val Thr Ile Leu Phe Leu Val Leu Ser Leu Ile	
90 95 100	
ACG TCG CTG CTG AGC TCT GGG TTT ACC TTC TAC AAC AGC ATC AGC AAC	510
Thr Ser Leu Leu Ser Ser Gly Phe Thr Phe Tyr Asn Ser Ile Ser Asn	
105 110 115	
CCT TAC CAG ACA TTC CTG GGG CCG ACG GGG GTG TAC ACC TGG AAC GGG	558
Pro Tyr Gln Thr Phe Leu Gly Pro Thr Gly Val Tyr Thr Trp Asn Gly	
120 125 130	
CTC GGT GCA TCC TTC GTT TTT GTG ACC ATG ATA CTG TTT GTG GCG AAC	606
Leu Gly Ala Ser Phe Val Phe Val Thr Met Ile Leu Phe Val Ala Asn	
135 140 145 150	
ACG CAG TCC AAC CAA CTC TCC GAA GAG TTG TTC CAA ATG CTT TAC CCG	654
Thr Gln Ser Asn Gln Leu Ser Glu Glu Leu Phe Gln Met Leu Tyr Pro	
155 160 165	
GCA ACC ACC AGT AAA GGA ACG ACC CAC AGT TAC GGA TAC TCG TTC TGG	702
Ala Thr Thr Ser Lys Gly Thr Thr His Ser Tyr Gly Tyr Ser Phe Trp	
170 175 180	
CTC ATA CTG CTC GTC ATT CTT CTA AAT ATA GTC ACT GTA ACC ATC ATC	750
Leu Ile Leu Leu Val Ile Leu Leu Asn Ile Val Thr Val Thr Ile Ile	

特平 9-144948

185	190	195	
ATT TTC TAC CAG AAG GCC AGA TAC CAG CGG AAG CAG GAG CAG AGA AAG			798
Ile Phe Tyr Gln Lys Ala Arg Tyr Gln Arg Lys Gln Glu Gln Arg Lys			
200	205	210	
CCA ATG GAA TAT GCT CCA AGG GAC GGA ATT TTA TTC TGAATTCTCT TTCATC			850
Pro Met Glu Tyr Ala Pro Arg Asp Gly Ile Leu Phe			
215	220	225	
TCATTTTGGC GTTGCATCTA TTGTACATCA GCCCTGAGTA GTAACCTGGTT AGCTTCTCTG			910
GACAATTCAG CATGGTAACG TGA CTGTGACAGC ATTTGTGTTT CATGACACTG			970
TGTTCTTCAT TGATGCTGTA CTCCTGAAAA TTTTCCCAC AAGGTTGGGG AAATGAATGG			1030
GAAATGTCGC TGG			1043

【0152】

配列番号：52

配列の長さ：972

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP10432

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：29..418

特徴を決定した方法：E

配列

AGACAGCGGC GGGCGCAGGA CGTGCACT ATG GCT CGG GGC TCG CTG CGC CGG	52
Met Ala Arg Gly Ser Leu Arg Arg	

特平 9-144948

1										5										
TTG	CTG	CGG	CTC	CTC	GTG	CTG	GGG	CTC	TGG	CTG	GCG	TTG	CTG	CGC	TCC					100
Leu	Leu	Arg	Leu	Leu	Val	Leu	Gly	Leu	Trp	Leu	Ala	Leu	Leu	Arg	Ser					
10					15					20										
GTG	GCC	GGG	GAG	CAA	GCG	CCA	GGC	ACC	GCC	CCC	TGC	TCC	CGC	GGC	AGC					148
Val	Ala	Gly	Glu	Gln	Ala	Pro	Gly	Thr	Ala	Pro	Cys	Ser	Arg	Gly	Ser					
25					30					35					40					
TCC	TGG	AGC	GCG	GAC	CTG	GAC	AAG	TGC	ATG	GAC	TGC	GCG	TCT	TGC	AGG					196
Ser	Trp	Ser	Ala	Asp	Leu	Asp	Lys	Cys	Met	Asp	Cys	Ala	Ser	Cys	Arg					
45					50					55										
GCG	CGA	CCG	CAC	AGC	GAC	TTC	TGC	CTG	GGC	TGC	GCT	GCA	GCA	CCT	CCT					244
Ala	Arg	Pro	His	Ser	Asp	Phe	Cys	Leu	Gly	Cys	Ala	Ala	Ala	Pro	Pro					
60					65					70										
GCC	CCC	TTC	CGG	CTG	CTT	TGG	CCC	ATC	CTT	GGG	GGC	GCT	CTG	AGC	CTG					292
Ala	Pro	Phe	Arg	Leu	Leu	Trp	Pro	Ile	Leu	Gly	Gly	Ala	Leu	Ser	Leu					
75					80					85										
ACC	TTC	GTG	CTG	GGG	CTG	CTT	TCT	GGC	TTT	TTG	GTC	TGG	AGA	CGA	TGC					340
Thr	Phe	Val	Leu	Gly	Leu	Leu	Ser	Gly	Phe	Leu	Val	Trp	Arg	Arg	Cys					
90					95					100										
CGC	AGG	AGA	GAG	AAG	TTC	ACC	ACC	CCC	ATA	GAG	GAG	ACC	GGC	GGA	GAG					388
Arg	Arg	Arg	Glu	Lys	Phe	Thr	Thr	Pro	Ile	Glu	Glu	Thr	Gly	Gly	Glu					
105					110					115					120					
GGC	TGC	CCA	GCT	GTG	GCG	CTG	ATC	CAG	TGACA	ATGT	GGCCCTGCC	A	CCGG							440
Gly	Cys	Pro	Ala	Val	Ala	Leu	Ile	Gln												
125																				
GGCTCGCCCA	CTCATCATT	ATT	CATCCAT	TCTAGAGCCA	GTCTCTGCCT	CCCAGACGCG														500
GCGGGAGCCA	AGCTCCTCCA	ACCACAAGGG	GGGTGGGGGG	CGGTGAATCA	CCTCTGAGGC															560
CTGGGCCCCAG	GGTTCAGGGG	AACCTTCCAA	GGTGTCTGGT	TGCCCTGCCT	CTGGCTCCAG															620
AACAGAAAGG	GAGCCTCAG	CTGGCTCACA	CAAAACAGCT	GACACTGACT	AAGGAACTGC															680

特平 9-144948

AGCATTGCA CAGGGGAGGG GGGTGCCCTC CTCCTAGAG GCCCTGGGGG CCAGGCTGAC 740  
 TTGGGGGGCA GACTTGACAC TAGGCCCCAC TCACTCAGAT GTCCTGAAAT TCCACCACGG 800  
 GGGTCACCCT GGGGGGTTAG GGACCTATTT TTAACACTAG GGGGCTGGCC CACTAGGAGG 860  
 GCTGGCCCTA AGATACAGAC CCCCCCAACT CCCCAGCG GGGAGGAGAT ATTTATTTTG 920  
 GGGAGAGTTT GGAGGGGAGG GAGAATTTAT TAATAAAGA ATCTTTAACT TT 972

【0153】

配列番号：53

配列の長さ：695

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP10433

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：73..564

特徴を決定した方法：E

配列

AAGATTTTCAG CTGCGGGACG GTCAGGGGAG ACCTCCAGGC GCAGGGAAGG ACGGCCAGGG 60  
 TGACACGGAA GC ATG CGA CGG CTG CTG ATC CCT CTG GCC CTG TGG CTG GGC 111  
 Met Arg Arg Leu Leu Ile Pro Leu Ala Leu Trp Leu Gly  
 1 5 10  
 GCG GTG GGC GTG GGC GTC GCC GAG CTC ACG GAA GCC CAG CGC CGG GGC 159  
 Ala Val Gly Val Gly Val Ala Glu Leu Thr Glu Ala Gln Arg Arg Gly  
 15 20 25  
 CTG CAG GTG GCC CTG GAG GAA TTT CAC AAG CAC CCG CCC GTG CAG TGG 207

特平 9-144948

Leu Gln Val Ala Leu Glu Glu Phe His Lys His Pro Pro Val Gln Trp  
 30 35 40 45  
 GCC TTC CAG GAG ACC AGT GTG GAG AGC GCC GTG GAC ACG CCC TTC CCA 255  
 Ala Phe Gln Glu Thr Ser Val Glu Ser Ala Val Asp Thr Pro Phe Pro  
 50 55 60  
 GCT GGA ATA TTT GTG AGG CTG GAA TTT AAG CTG CAG CAG ACA AGC TGC 303  
 Ala Gly Ile Phe Val Arg Leu Glu Phe Lys Leu Gln Gln Thr Ser Cys  
 65 70 75  
 CGG AAG AGG GAC TGG AAG AAA CCC GAG TGC AAA GTC AGG CCC AAT GGG 351  
 Arg Lys Arg Asp Trp Lys Lys Pro Glu Cys Lys Val Arg Pro Asn Gly  
 80 85 90  
 AGG AAA CGG AAA TGC CTG GCC TGC ATC AAA CTG GGC TCT GAG GAC AAA 399  
 Arg Lys Arg Lys Cys Leu Ala Cys Ile Lys Leu Gly Ser Glu Asp Lys  
 95 100 105  
 GTT CTG GGC CGG TTG GTC CAC TGC CCC ATA GAG ACC CAA GTT CTG CGG 447  
 Val Leu Gly Arg Leu Val His Cys Pro Ile Glu Thr Gln Val Leu Arg  
 110 115 120 125  
 GAG GCT GAG GAG CAC CAG GAG ACC CAG TGC CTC AGG GTG CAG CGG GCT 495  
 Glu Ala Glu Glu His Gln Glu Thr Gln Cys Leu Arg Val Gln Arg Ala  
 130 135 140  
 GGT GAG GAC CCC CAC AGC TTC TAC TTC CCT GGA CAG TTC GCC TTC TCC 543  
 Gly Glu Asp Pro His Ser Phe Tyr Phe Pro Gly Gln Phe Ala Phe Ser  
 145 150 155  
 AAG GCC CTG CCC CGC AGC TAAGCCAGCA CTGAGCTGCG TGGTGCCTC 590  
 Lys Ala Leu Pro Arg Ser  
 160  
 CAGGACCGCT GCCGGTGGTA ACCAGTGGAA GACCCAGCC CCCAGGGAGA GGACCCCGTT 650  
 CTATCCCAG CCATGATAAT AAAGCTGCTC TCCCAGCTGC CTCTC 695

【0154】

配列番号：54

配列の長さ：1914

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10480

配列の特徴

特徴を表す記号：CDS

存在位置：80..661

特徴を決定した方法：E

配列

ACTCTCTGCT GTCGCCCCGTC CCGCGCGCTC CTCGACCCG CTCGGCTCCG CTCGGCTCGG	60
CCCCGCGCCG CCGTCAAC ATG ATC CGC TGC GGC CTG GCC TGC GAG CGC TGC	112
Met Ile Arg Cys Gly Leu Ala Cys Glu Arg Cys	
1 5 10	
CGC TGG ATC CTG CCC CTG CTC CTA CTC AGC GCC ATC GCC TTC GAC ATC	160
Arg Trp Ile Leu Pro Leu Leu Leu Ser Ala Ile Ala Phe Asp Ile	
15 20 25	
ATC GCG CTG GCC GGC CGC GGC TGG TTG CAG TCT AGC GAC CAC GGC CAG	208
Ile Ala Leu Ala Gly Arg Gly Trp Leu Gln Ser Ser Asp His Gly Gln	
30 35 40	
ACG TCC TCG CTG TGG TGG AAA TGC TCC CAA GAG GGC GGC GGC AGC GGG	256
Thr Ser Ser Leu Trp Trp Lys Cys Ser Gln Glu Gly Gly Gly Ser Gly	
45 50 55	
TCC TAC GAG GAG GGC TGT CAG AGC CTC ATG GAG TAC GCG TGG GGT AGA	304

特平 9-144948

Ser Tyr Glu Glu Gly Cys Gln Ser Leu Met Glu Tyr Ala Trp Gly Arg	
60 65 70 75	
GCA GCG GCT GCC ATG CTC TTC TGT GGC TTC ATC ATC CTG GTG ATC TGT	352
Ala Ala Ala Ala Met Leu Phe Cys Gly Phe Ile Ile Leu Val Ile Cys	
80 85 90	
TTC ATC CTC TCC TTC TTC GCC CTC TGT GGA CCC CAG ATG CTT GTC TTC	400
Phe Ile Leu Ser Phe Phe Ala Leu Cys Gly Pro Gln Met Leu Val Phe	
95 100 105	
CTG AGA GTG ATT GGA GGT CTC CTT GCC TTG GCT GCT GTG TTC CAG ATC	448
Leu Arg Val Ile Gly Gly Leu Leu Ala Leu Ala Ala Val Phe Gln Ile	
110 115 120	
ATC TCC CTG GTA ATT TAC CCC GTG AAG TAC ACC CAG ACC TTC ACC CTT	496
Ile Ser Leu Val Ile Tyr Pro Val Lys Tyr Thr Gln Thr Phe Thr Leu	
125 130 135	
CAT GCC AAC CGT GCT GTC ACT TAC ATC TAT AAC TGG GCC TAC GGC TTT	544
His Ala Asn Arg Ala Val Thr Tyr Ile Tyr Asn Trp Ala Tyr Gly Phe	
140 145 150 155	
GGG TGG GCA GCC ACG ATT ATC CTG ATC GGC TGT GCC TTC TTC TTC TGC	592
Gly Trp Ala Ala Thr Ile Ile Leu Ile Gly Cys Ala Phe Phe Phe Cys	
160 165 170	
TGC CTC CCC AAC TAC GAA GAT GAC CTT CTG GGC AAT GCC AAG CCC AGG	640
Cys Leu Pro Asn Tyr Glu Asp Asp Leu Leu Gly Asn Ala Lys Pro Arg	
175 180 185	
TAC TTC TAC ACA TCT GCC TA ACTTGGG AATGAATGTG GGAGAAAATC GCT	690
Tyr Phe Tyr Thr Ser Ala	
190	
GCTGCTGAGA TGGACTCCAG AAGAAGAAAC TGTTTCTCCA GGCGACTTTG AACCCATTTT	750
TTGGCAGTGT TCATATTATT AAAC TAGTCA AAAATGCTAA AATAATTGG GAGAAAATAT	810
TTTTTAAGTA GTGTTATAGT TTCATGTTTA TCTTTTATTA TGTTTTGTGA AGTTGTGTCT	870

TTTCACTAAT TACCTATACT ATGCCAATAT TTCCTTATAT CTATCCATAA CATTTATACT 930  
 ACATTTGTAA GAGAATATGC ACGTGAAACT TAACACTTTA TAAGGTAAAA ATGAGGTTTC 990  
 CAAGATTTAA TAATCTGATC AAGTTCTTGT TATTTCCTAAA TAGAATGGAC TTGGTCTGTT 1050  
 AAGGGCTAAG GAGAAGAGGA AGATAAGGTT AAAAGTTGTT AATGACCAAA CATTCTAAAA 1110  
 GAAATGCAAA AAAAAAGTTT ATTTTCAAGC CTTTCAACTA TTTAAGGAAA GCAAAATCAT 1170  
 TTCCTAAATG CATATCATTT GTGAGAATTT CTCATTAATA TCCTGAATCA TTCATTTTCT 1230  
 CTAAGGCTTC ATGTTGACTC GATATGTCAT CTAGGAAAGT ACTATTTTCAT GGTCCAAACC 1290  
 TGTGTCCTA GTTGTAAGG CTTTCTTTA AGTGTGAAAT ATTTAGATGA AATTTTCTCT 1350  
 TTTAAAGTTC TTTATAGGGT TAGGGTGTGG GAAAATGCTA TATTAATAAA TCTGTAGTGT 1410  
 TTTGTGTTTA TATGTTTCTA ACCAGAGTAG ACTGGATTGA AAGATGGACT GGGTCTAATT 1470  
 TATCATGACT GATAGATCTG GTTAAGTTGT GTAGTAAAGC ATTAGGAGGG TCATTCTTGT 1530  
 CACAAAAGTG CCACTAAAAC AGCCTCAGGA GAATAAATGA CTTGCTTTTC TAAATCTCAG 1590  
 GTTTATCTGG GCTCTATCAT ATAGACAGGC TTCTGATAGT TTGCAACTGT AAGCAGAAAC 1650  
 CTACATATAG TTAATAATCCT GGTCTTTCTT GGTAACACA TTTTAAATGT CTGATATAAA 1710  
 ACATGCCACA GGAGAATTCG GGGATTTGAG TTTCTCTGAA TAGCATATAT ATGATGCATC 1770  
 GGATAGGTCA TTATGATTTT TTACCATTTC GACTTACATA ATGAAAACCA ATTCATTTTA 1830  
 AATATCAGAT TATTATTTTG TAAGTTGTGG AAAAAGCTAA TTGTAGTTT CATTATGAAG 1890  
 TTTTCCCAAT AAACCAGGTA TTCT 1914

【図面の簡単な説明】

【図1】 分泌シグナル配列検出ベクター pSSD3 の構造を表す図である。

【図2】 クローンHP01263 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図3】 クローンHP01299 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図4】 クローンHP01347 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図5】 クローンHP01440 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図6】 クローンHP01526 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

ィールを示す図である。

【図7】 クローンHP10230がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図8】 クローンHP10389がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図9】 クローンHP10408がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図10】 クローンHP10412がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図11】 クローンHP10413がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図12】 クローンHP10415がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図13】 クローンHP10419がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図14】 クローンHP10424がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図15】 クローンHP10428がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図16】 クローンHP10429がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

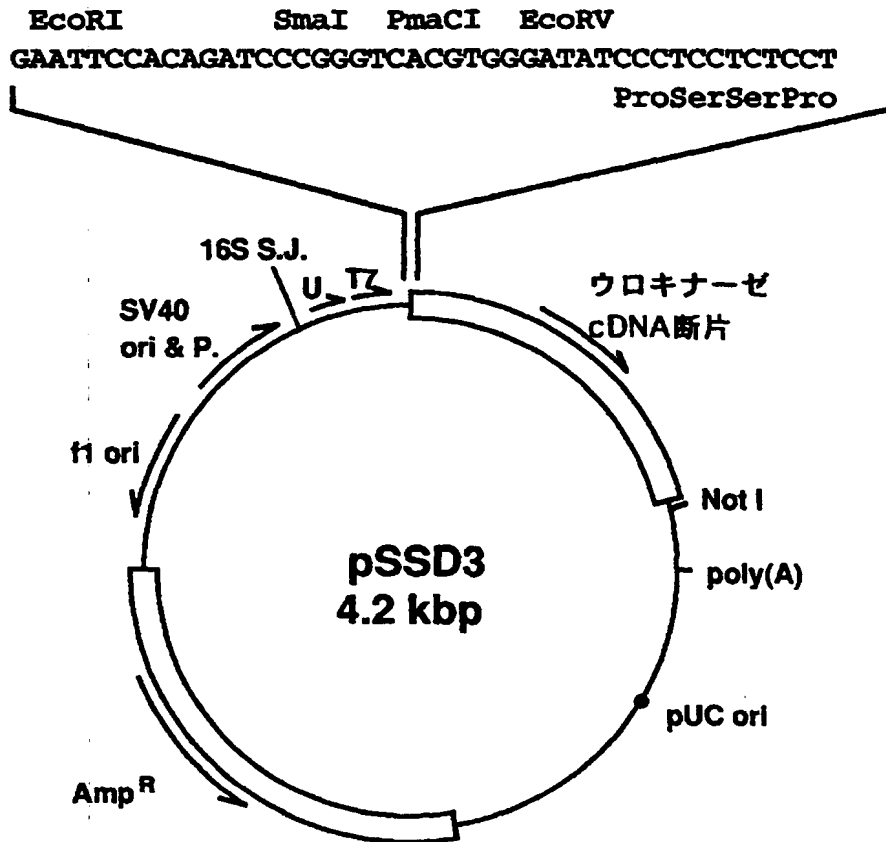
【図17】 クローンHP10432がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図18】 クローンHP10433がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

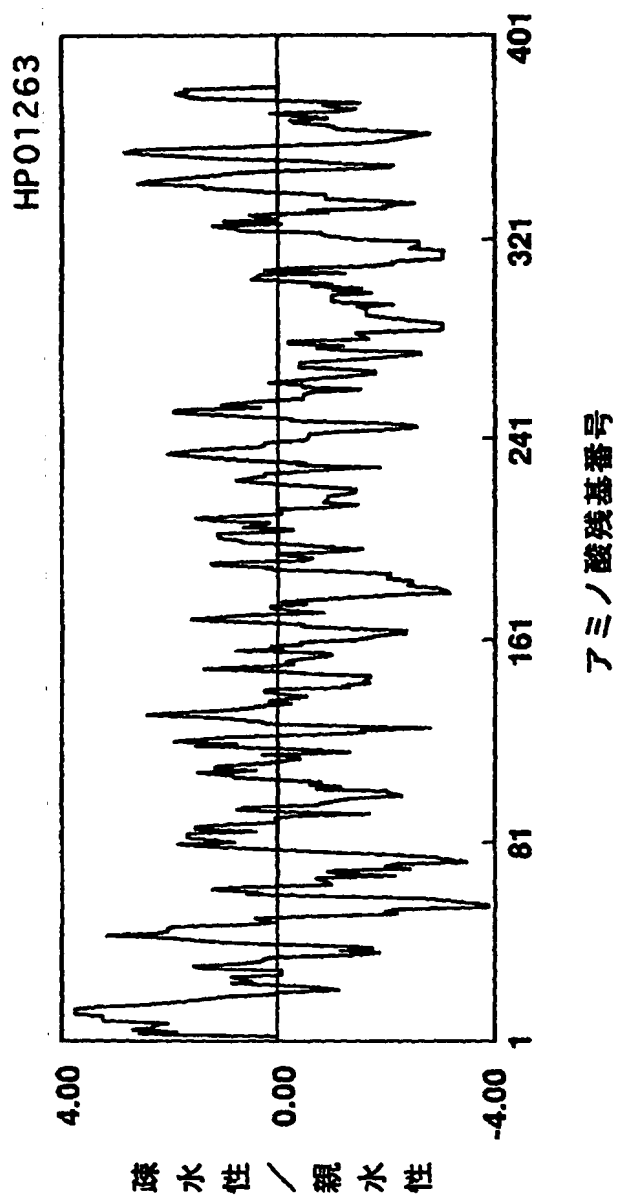
【図19】 クローンHP10480がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【書類名】 図面

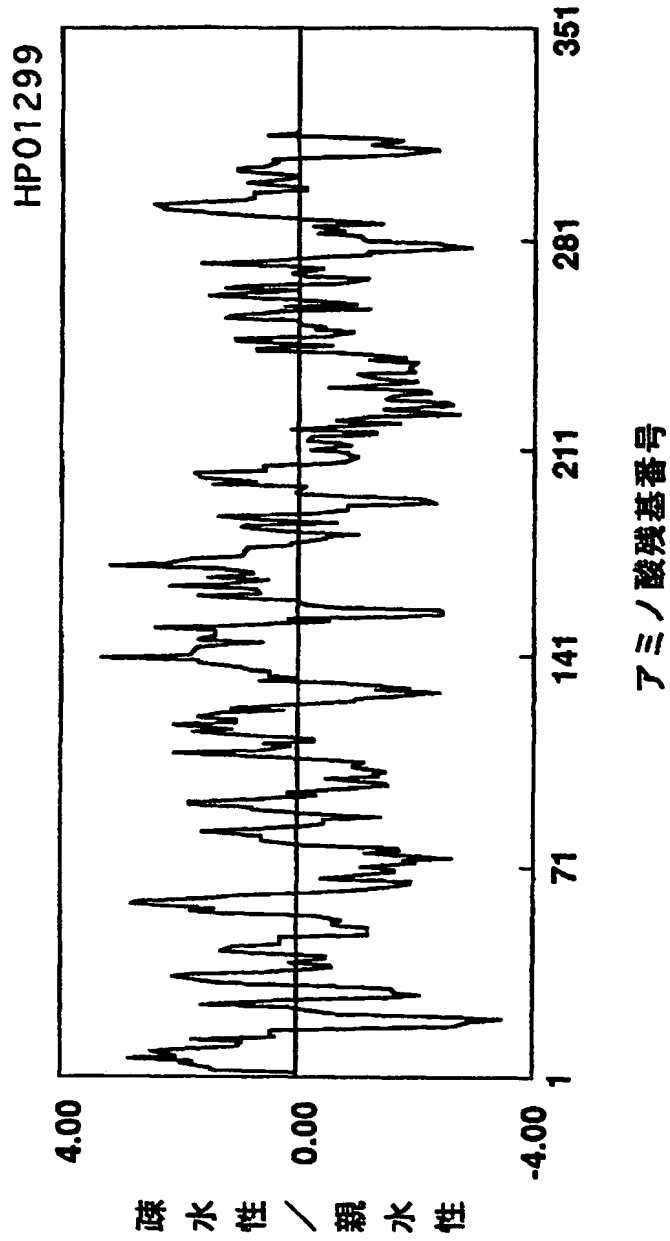
【図1】



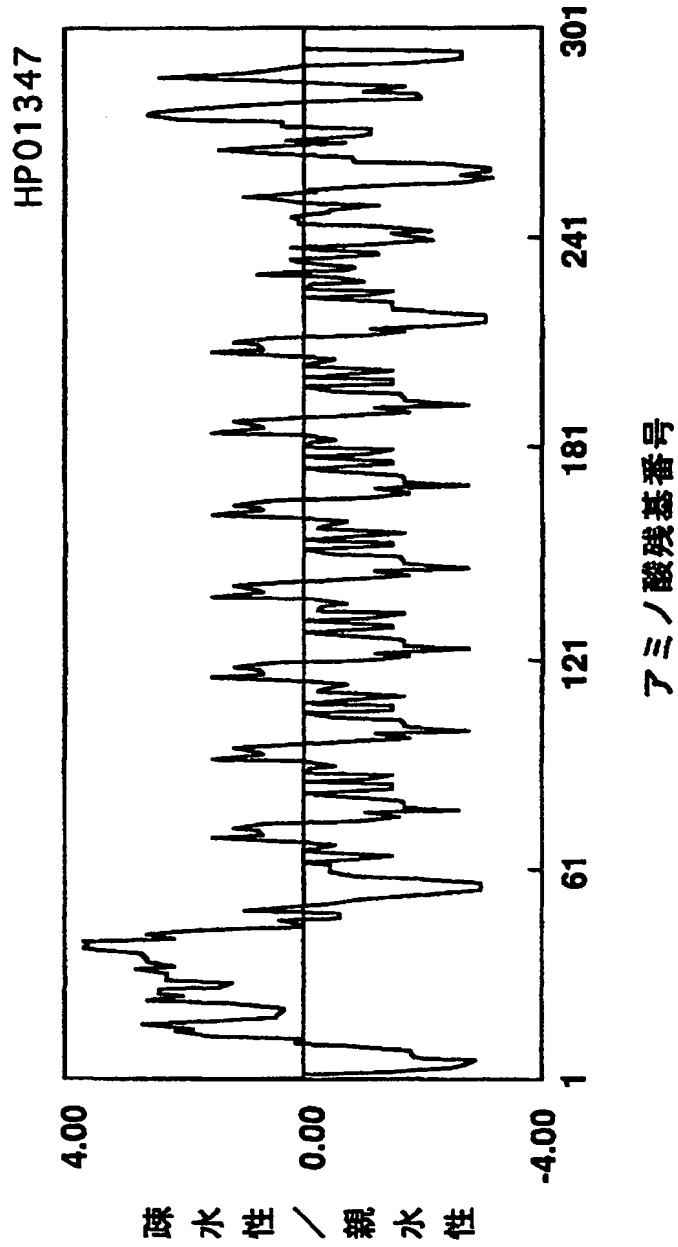
【図2】



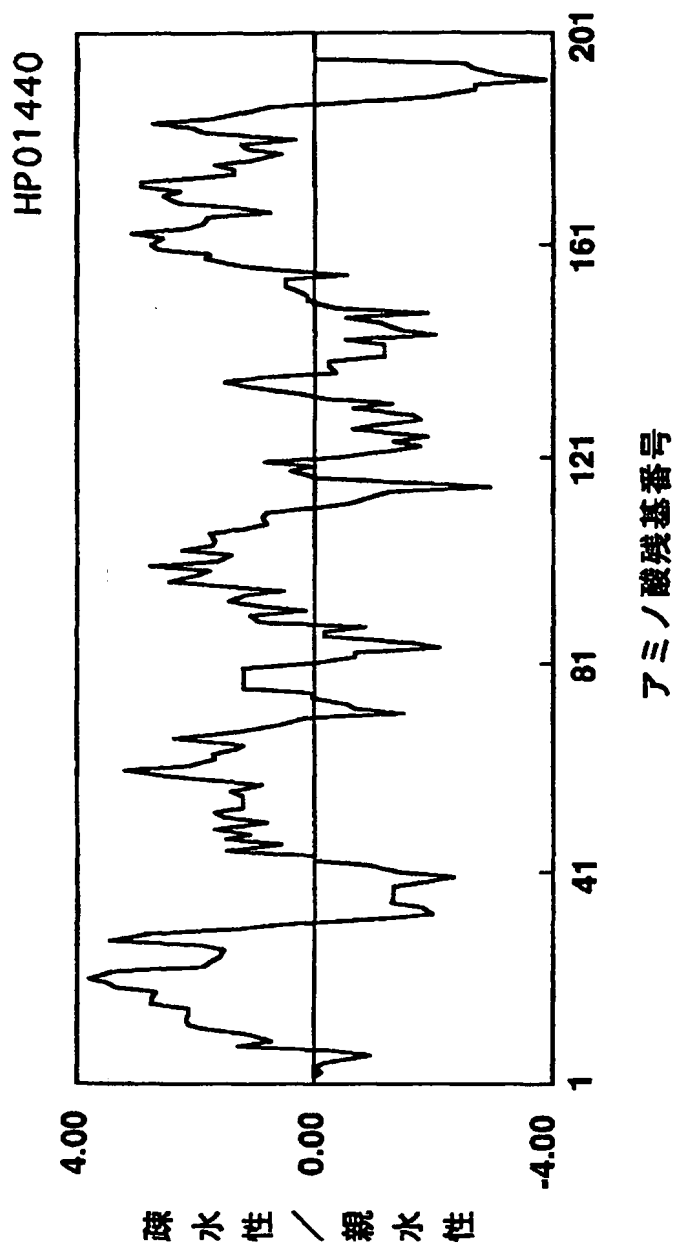
【図3】



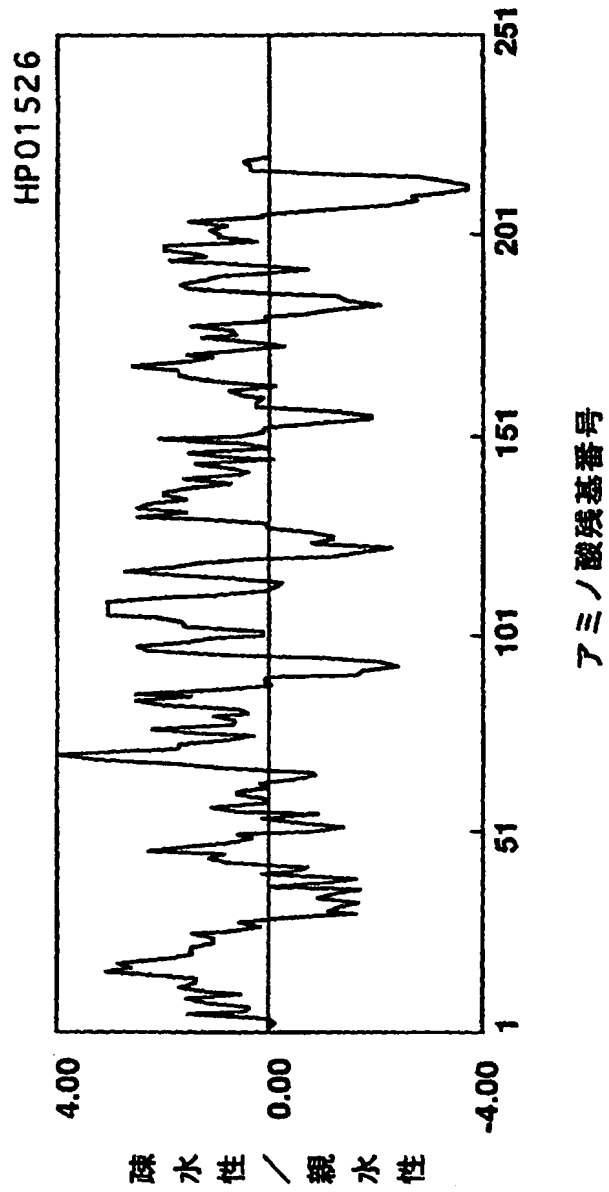
【図4】



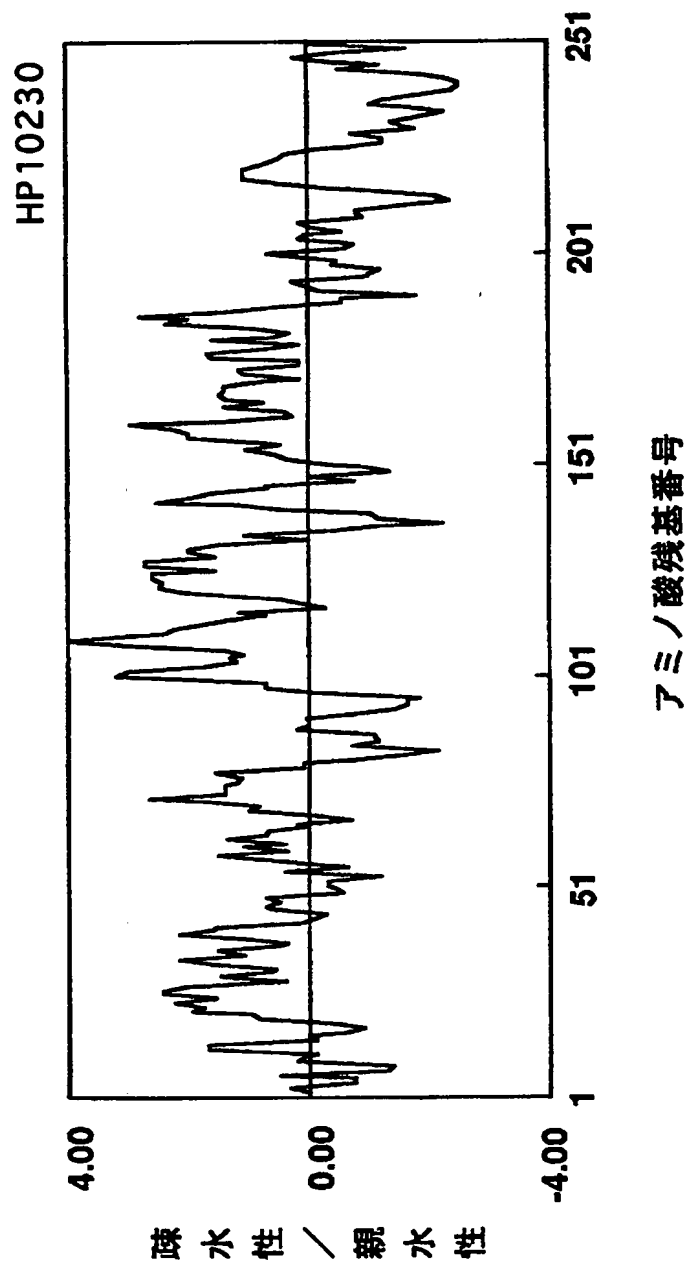
【図5】



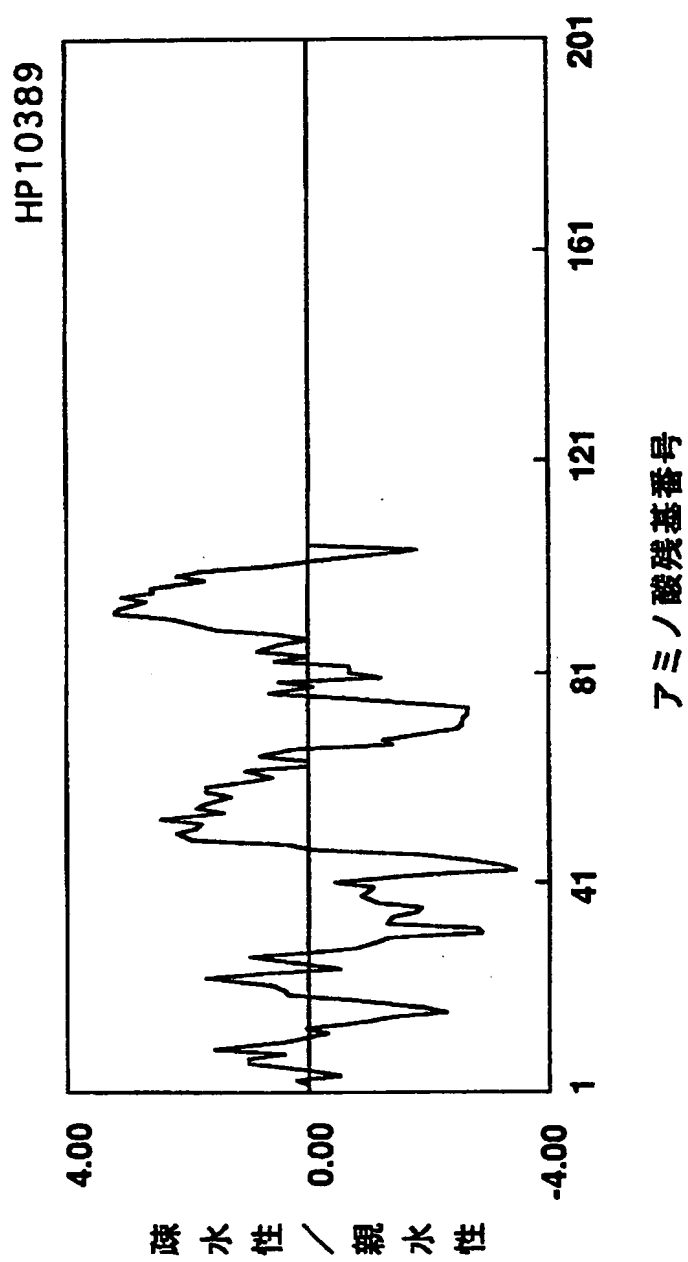
【図6】



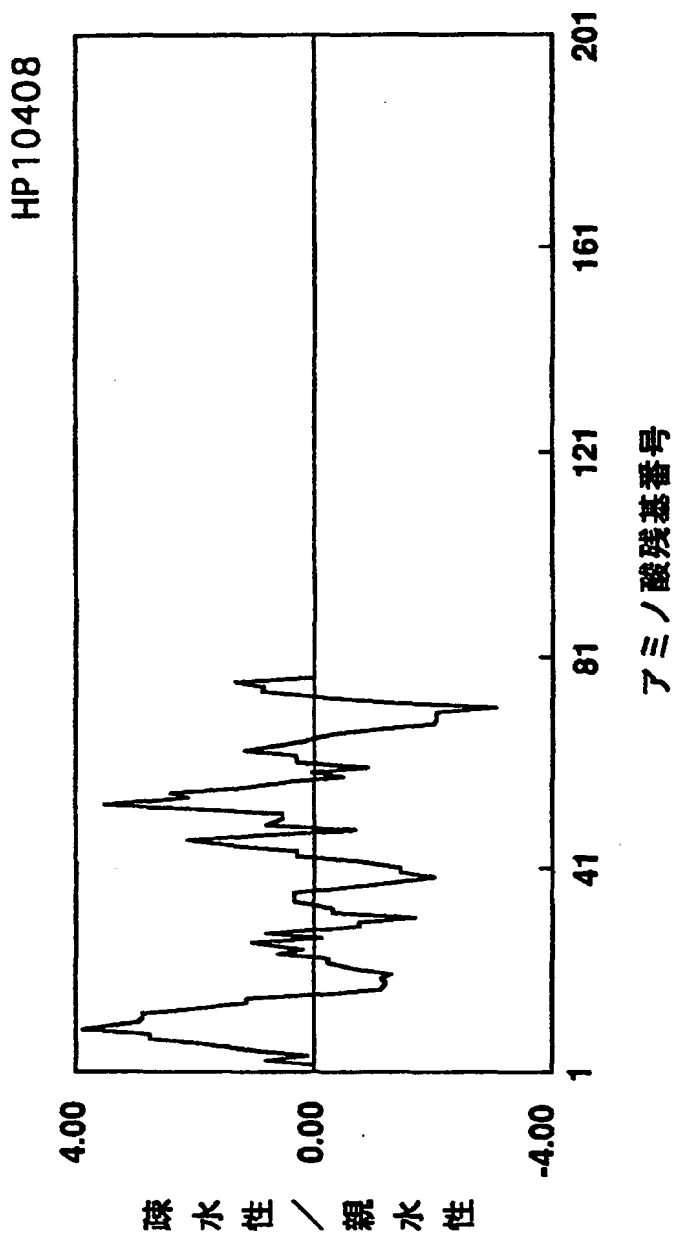
【図7】



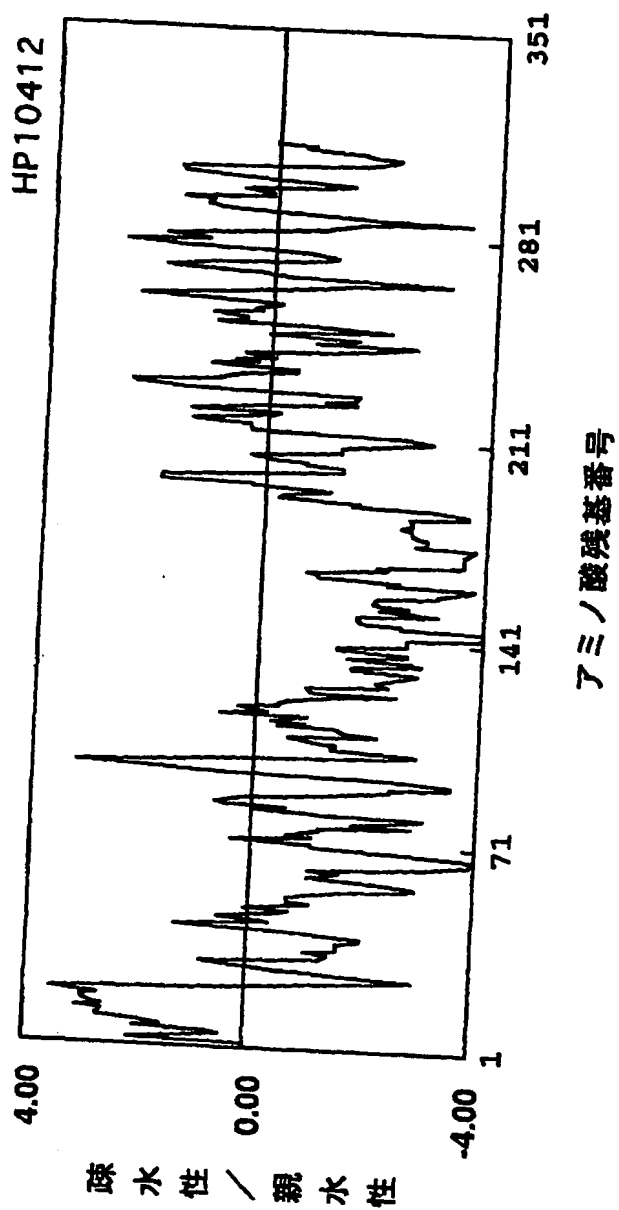
【図8】



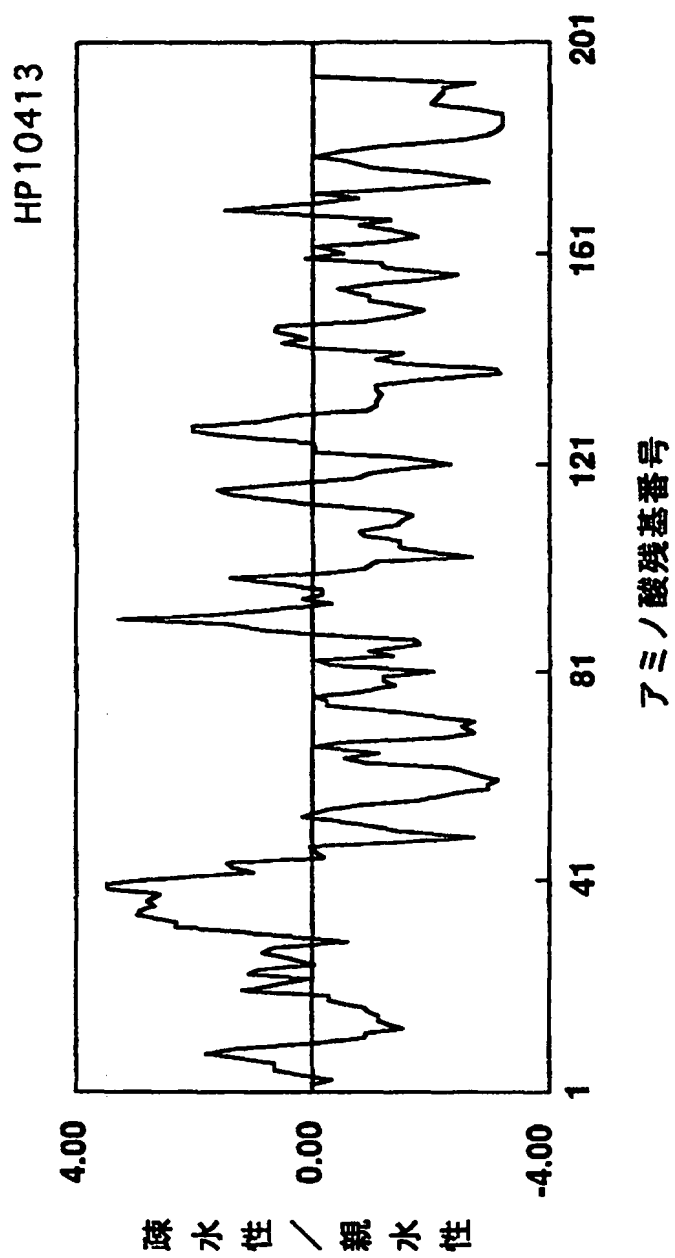
【図9】



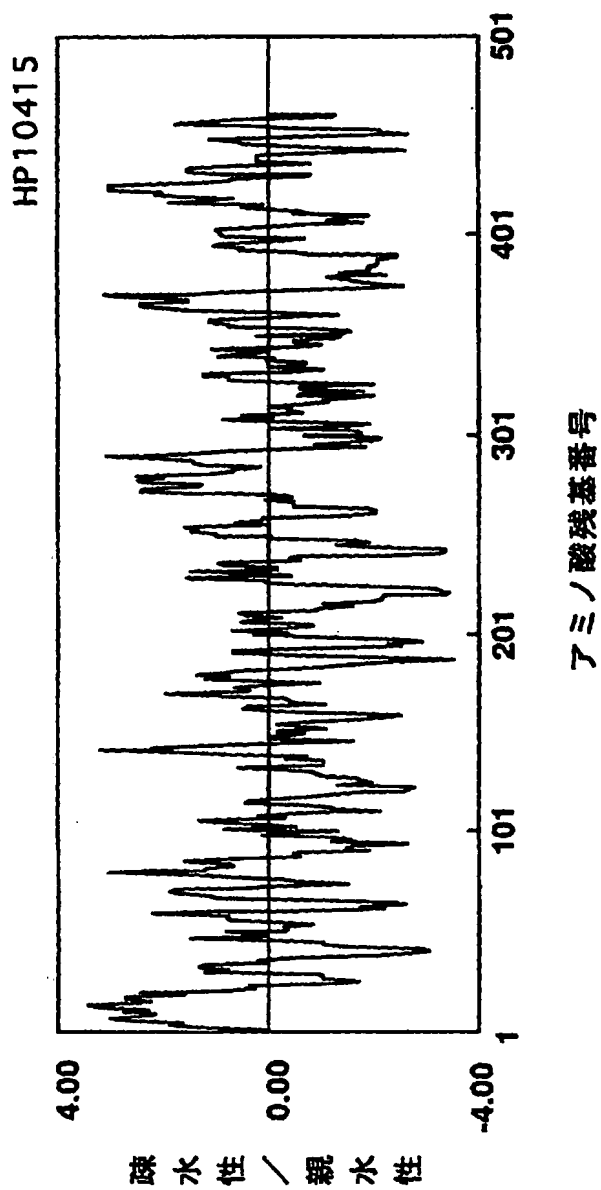
【図10】



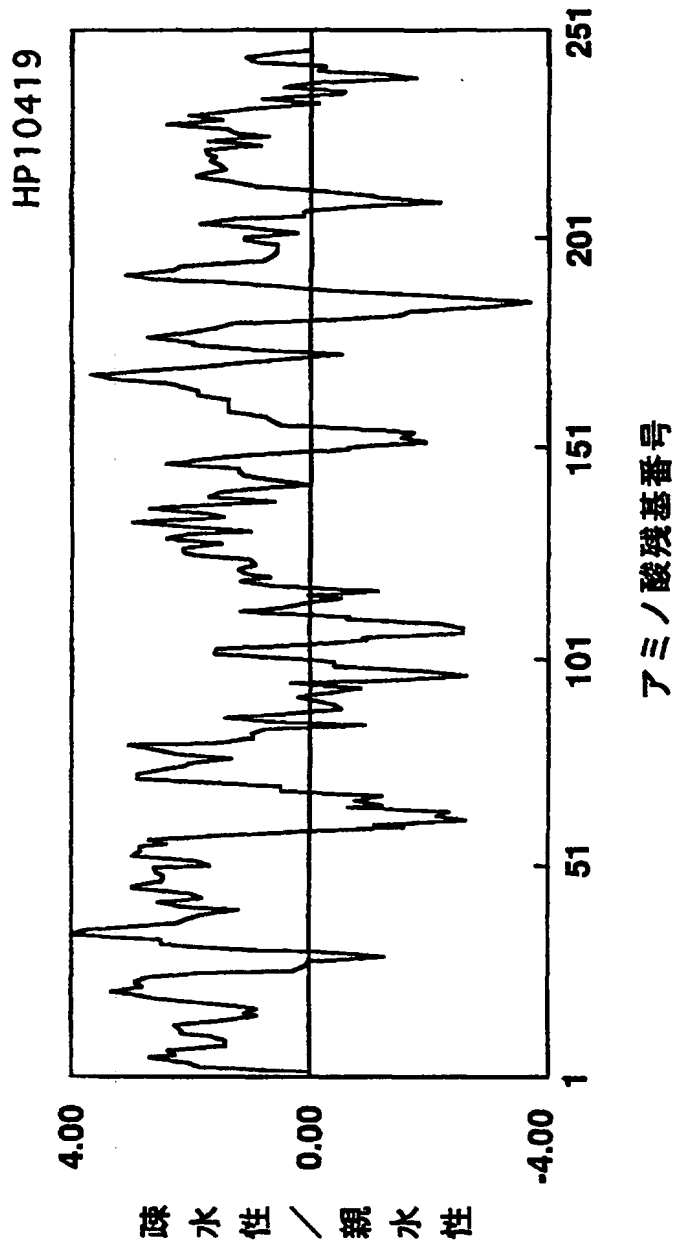
【図11】



【図12】

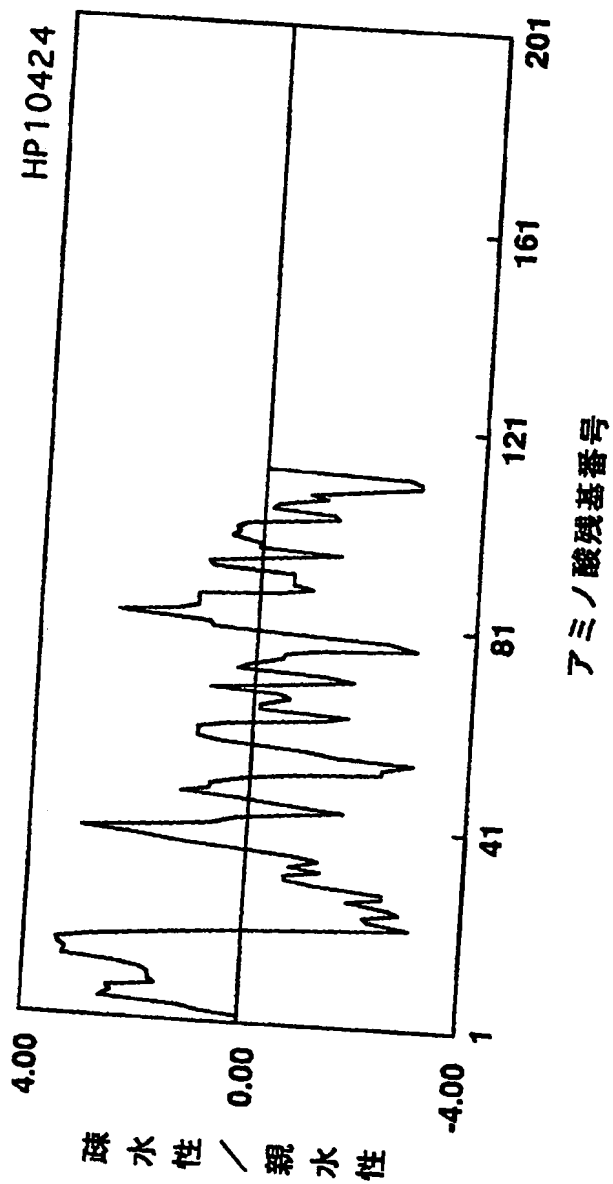


【図13】

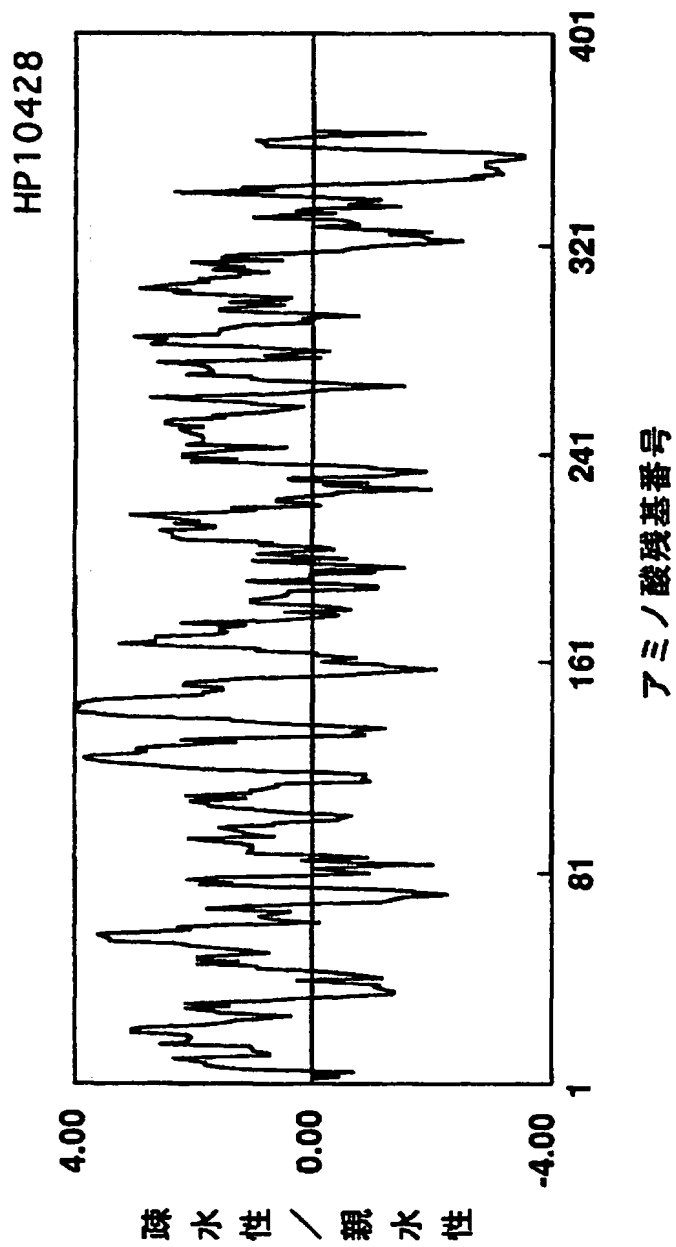


特平 9-144948

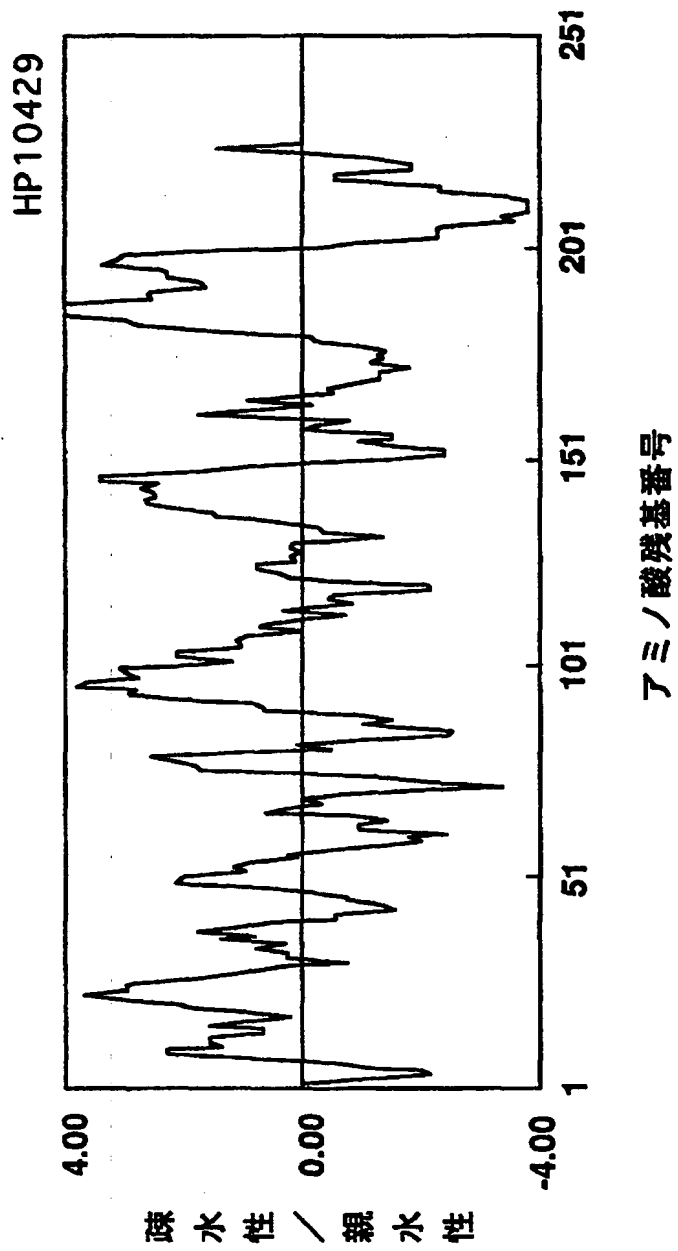
【図14】



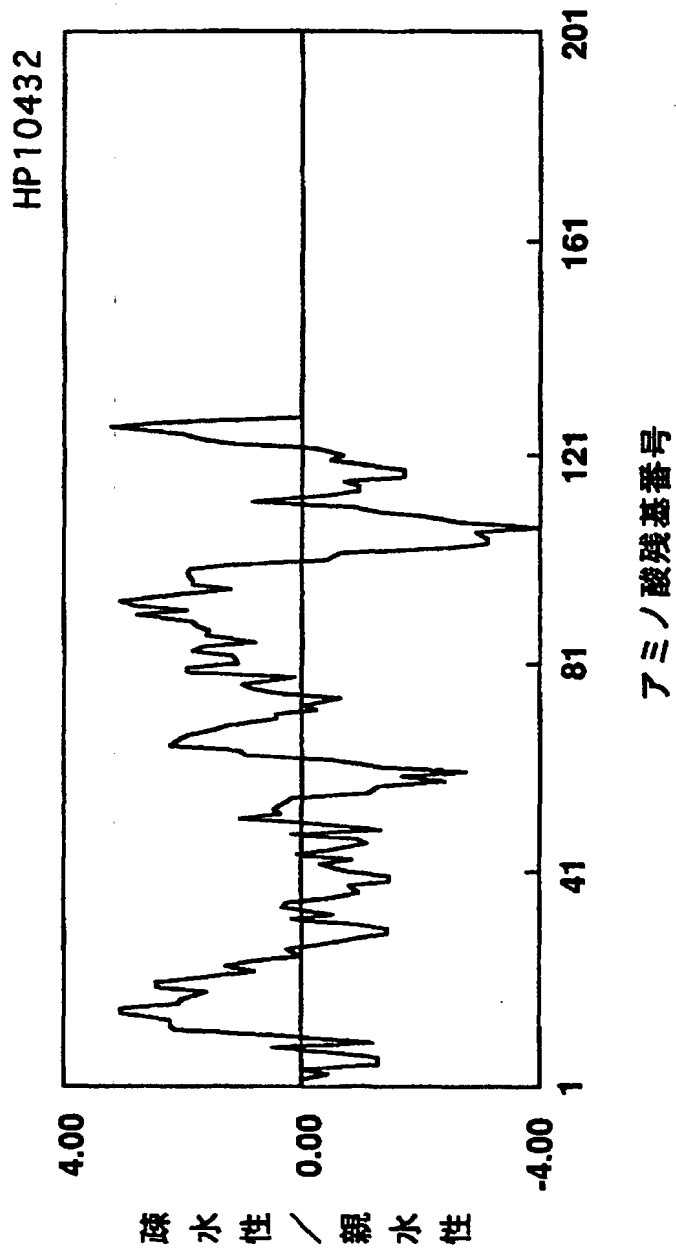
【図15】



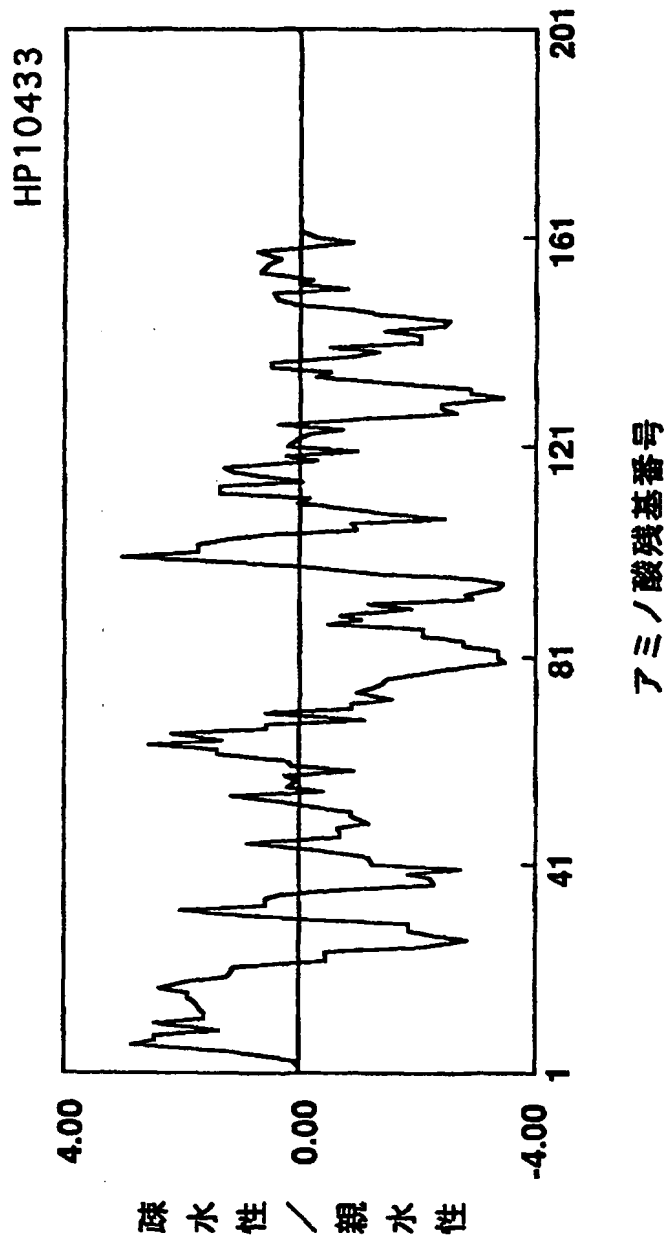
【図16】



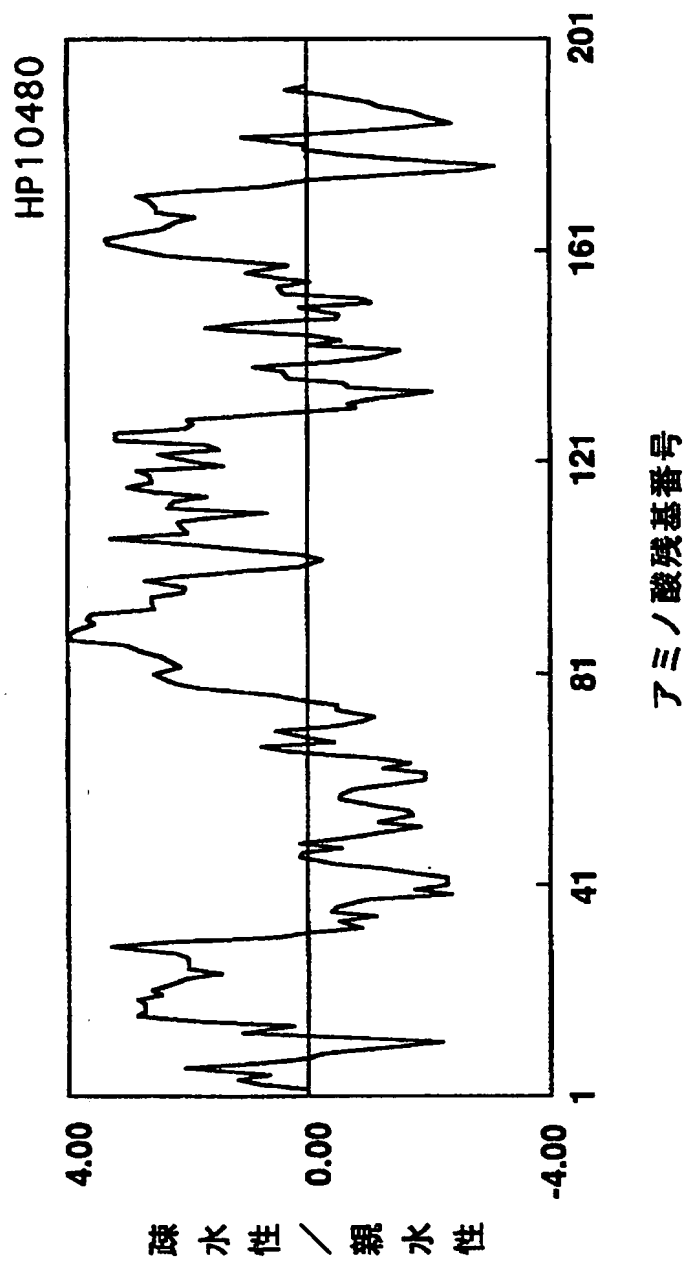
【図17】



【図18】



【図19】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 膜貫通ドメインを有するヒト蛋白質、およびそれをコードしている cDNA を提供する。

【解決手段】 配列番号 1 から配列番号 18 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質および該蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 19 から配列番号 36 で表される塩基配列を含む cDNA。膜貫通ドメインを有するヒト蛋白質をコードしている cDNA、およびこのヒト cDNA の組換え体を発現させることにより該蛋白質を提供することができる。

【選択図】 なし

特平 9-144948

【書類名】 職権訂正データ  
【訂正書類】 特許願

<認定情報・付加情報>

【特許出願人】	申請人
【識別番号】	000173762
【住所又は居所】	神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号
【氏名又は名称】	財団法人相模中央化学研究所
【特許出願人】	
【識別番号】	596134998
【住所又は居所】	東京都目黒区中町2丁目20番3号
【氏名又は名称】	株式会社プロテジーン

特平 9-144948

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [000173762]

1. 変更年月日	1995年 4月14日
[変更理由]	住所変更
住 所	神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号
氏 名	財団法人相模中央化学研究所

特平 9-144948

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [596134998]

1. 変更年月日 1996年 9月13日

[変更理由] 新規登録

住 所 東京都目黒区中町2丁目20番3号

氏 名 株式会社プロテジーン